

GIOVANI DA COSTA CAETANO

**CONVERSÃO ALIMENTAR INDIVIDUAL, INTERAÇÃO
GENÓTIPOS X NÍVEIS DE PROTEÍNA E ANÁLISE DE
IMOBILIDADE TÔNICA EM CODORNAS DE CORTE**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2018

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

T

C128c
2018 Caetano, Giovani da Costa, 1989-
Conversão alimentar individual, interação genótipos x
níveis de proteína e análise de imobilidade tônica em codornas
de corte / Giovani da Costa Caetano. – Viçosa, MG, 2018.
x, 60 f. : il. ; 29 cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. *Coturnix coturnix* - Genética. 2. Análise de regressão.
3. Análise de sobrevivência (Biometria). I. Universidade Federal
de Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.594

GIOVANI DA COSTA CAETANO

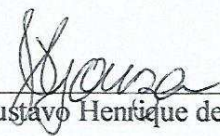
**CONVERSÃO ALIMENTAR INDIVIDUAL, INTERAÇÃO
GENÓTIPOS X NÍVEIS DE PROTEÍNA E ANÁLISE DE
IMOBILIDADE TÔNICA EM CODORNAS DE CORTE**

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

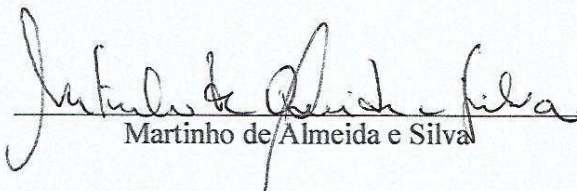
Aprovada: 06 de setembro de 2018.



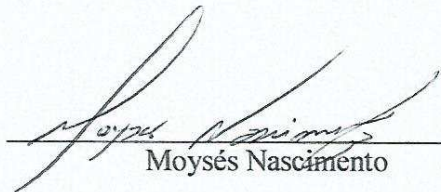
Robledo de Almeida Torres



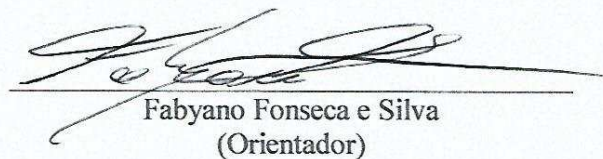
Gustavo Henrique de Souza



Martinho de Almeida e Silva



Moyses Nascimento



Fabyano Fonseca e Silva
(Orientador)

*Aos meus pais, Maria e Luiz,
aos meus irmãos Sérgio, Patrícia e Adriana,
ao meu cunhado Eduardo e aos meus sobrinhos Luiz Otávio e Bruno,
e especialmente à minha esposa Rosa e ao meu filho Pedro Vitor
pelo amor incondicional,
companheirismo, carinho,
atenção e compreensão
em todos os momentos
da minha vida, dedico este trabalho.*

“Tudo posso Naquele que me fortalece!”

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar presente e me dar força em todos os momentos de lutas e vitórias ao longo da vida e nessa caminhada em busca de conhecimento.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), aos programas de Pós-graduação em Zootecnia e em Genética e Melhoramento, e ao departamento de Zootecnia pela oportunidade e realização dos cursos de Agronomia e de Mestrado em Genética e Melhoramento e Doutorado em Zootecnia.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig), pela concessão das bolsas de estudos ao longo da vida acadêmica.

Ao meu orientador Fabyano Fonseca e Silva pela confiança, amizade, atenção, ajuda, incentivo, compreensão e conselhos nos momentos difíceis, ensinamentos e oportunidade para trabalharmos juntos, minha eterna gratidão e admiração.

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

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e ao Departamento de Zootecnia, pelos ensinamentos, oportunidades e atenção.

Aos funcionários da Granja de Melhoramento de Aves e do Incubatório, em especial ao Vicente, Zé Mauro e ao Silvio (Matão), pela força, paciência e companheirismo em todos os momentos dessa caminhada.

A todos amigos ligados ao programa de melhoramento genético animal da UFV, Rafael Bastos, Cristina, Mariele, Carla, Jeferson, Luciano, Felipe, Gilberto, Ana Lúcia, Luiz Brito, Aline, Bruno, Helmut, Rodrigo Pacheco, Edson, Lorena, Camila, William, Stefani, Nadson, Delvan, Alessandra, Hinayah, Tavão, Hinayah, Tavão, Teo, Hugo, Darlene, Caroline, Naila, Ana, Dudu, Japão, Vinícius, Bia, Cleria, e a tantos outros que não estão aqui registrados, mas fica o meu agradecimento por terem me suportado, tiveram paciência, me incentivaram e me passaram grandes ensinamentos desde a graduação e sem vocês não conseguiria chegar até aqui. Obrigado a todos!

Ao Delvan, Luciano e ao Rodrigo (Batatinha) agradeço pela dedicação, companheirismo e grande ajuda para rodar as análises e correções dessa tese.

A todos familiares, amigos de infância, amigos formados durante a vida acadêmica, amigos e irmãos que formados ao longo da vida, a todos amigos do melhoramento e da zootecnia e aos membros do GenMelhor pelo companheirismo, atenção, carinho, paciência, e pelos momentos de descontração e alegria.

Aos amigos Vanessa, Cristian, e suas respectivas famílias, pelo apoio e carinho durante minha chegada na nova fase da minha vida. À todos amigos e companheiros de trabalho na BRF pelo carinho, recepção, paciência, ensinamentos, apoio e companheirismo. Enfim, a toda equipe da Gerência de Genética e Inovação Agropecuária para grande oportunidade.

A minha mãe, que sem ela não chegaria até aqui, agradeço pelo amor incondicional, pela formação pessoal e de caráter, pelo incentivo, atenção e carinho, compreensão pelas minhas faltas e pelo exemplo de vida.

Aos meus irmãos por serem especiais na minha vida, pela amizade diária, pelo incentivo e apoio, paciência, atenção e carinho em todos momentos da minha vida.

Ao meu cunhado Eduardo pelas risadas e companheirismo.

A Rosa pela paciência, amor, atenção e compreensão durante todos esses anos juntos, e principalmente por me conceder a alegria e benção de Deus que é ser papai.

Aos meus sobrinhos Luiz Otávio e Bruno por trazerem alegria pra nossa família e para minha vida.

E em especial ao meu filho Pedro Vitor, que transformou minha vida e se tornou a razão do meu viver e doses de animo para lutar cada dia mais com alegria e determinação.

ENFIM, A TODOS QUE DE FORMA DIRETA OU INDIRETA FIZERAM E FAZEM PARTE DO QUE SOU HOJE, SOU IMENSAMENTE GRATO!

BIOGRAFIA

Giovani da Costa Caetano, filho de Luiz Caetano e Maria Aparecida da Costa Caetano, nasceu em Viçosa, estado das Minas Gerais, em 22 de junho de 1989.

Em março de 2008, iniciou o Curso de Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa, e iniciou estágio na área de melhoramento animal. Posteriormente, foi bolsista PROBIC/FAPEMIG (03/2009 - 02/2010), bolsista INCT-CA (03/2010 - 02/2011), bolsista PROBIC/FAPEMIG (03/2011 - 02/2012) e bolsista FAPEMIG (03/2012 - 11/2012), sob a orientação do professor Robledo de Almeida Torres, desenvolvendo pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros e junto ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em março de 2013 obteve o diploma de Engenheiro Agrônomo.

Em março de 2013, ingressou-se no Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Robledo de Almeida Torres, realizando seus estudos na área de Melhoramento Animal.

Em 2014 obteve sucesso ao prestar o processo seletivo para ingressar no doutorado na área de Genética e Melhoramento na UFV em março de 2015.

No dia 13 de fevereiro de 2015, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia.

No dia 2 de março de 2015, ingressou no Programa de Pós-Graduação (Doutorado) na área de Melhoramento Genético Animal, da Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, orientado pelo Professor Fabyano Fonseca e Silva. De março de 2015 a Fevereiro de 2017 foi bolsista CNPq, vinculado ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. Em razão da desvinculação da área de Melhoramento Genético Animal do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, o mesmo foi transferido ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, onde foi bolsista CAPES de março de 2017 a abril de 2018.

No dia 15 de dezembro de 2016 foi aprovado no Exame de Qualificação em Melhoramento Genético Animal, no Departamento de Zootecnia (UFV).

No dia 19 de abril de 2018, ingressou na empresa BRF como Supervisor Agropécuário das Granjas Experimentais de Aves e Suínos em Concórdia SC, vinculado à Gerência de Genética e Inovação Agropecuária da empresa BRF.

No dia 06 de setembro de 2018, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Zootecnia.

SUMÁRIO

RESUMO	ix
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral	4
2.2. Objetivos específicos.....	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Interação entre Genótipos e Ambientes (GxE).....	4
3.2. Modelos de Normas de Reação (RNM)	5
3.3. Modelos Bayesianos.....	6
3.4. Imobilidade Tônica (IT)	9
3.5. Análise de Sobrevivência	12
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	17

CHAPTER 1

Bayesian estimation of genetic parameters for individual feed conversion and body weight gain in meat quail	24
ABSTRACT	25
RESUMO	26
1. INTRODUCTION	27
2. MATERIAL AND METHODS	28
2.1. Population structure and animal management.....	28
2.2. Statistical analyses.....	29
3. RESULTS	30
4. DISCUSSION	33
5. REFERENCES	34

CHAPTER 2

Genotype and protein level interaction in growth traits of meat-type quail through reaction norm models	36
ABSTRACT	37
RESUMO	38
1. INTRODUCTION	39
2. MATERIAL AND METHODS	40
3. RESULTS	42
4. DISCUSSION	45
5. CONCLUSION	47
6. APPENDIX	48
7. REFERENCES	50

CAPÍTULO 3

Avaliação da imobilidade tônica em codornas de corte via análise de sobrevivência. 52

RESUMO 53

ABSTRACT 54

1. INTRODUÇÃO..... 55

2. MATERIAL E MÉTODOS..... 55

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 57

4. CONCLUSÕES..... 59

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 59

CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 60

RESUMO

CAETANO, Giovani da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2018. **Conversão alimentar individual, interação genótipos x níveis de proteína e análise de imobilidade tônica em codornas de corte.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

A evolução da cadeia produtiva de proteína animal e a maior exigência de mercado quanto a qualidade de produto final, reforçam a importância do desenvolvimento e/ou aprimorar ferramentas aplicadas ao melhoramento animal, visando ao progresso genético de modo sustentável. Assim, objetivou-se investigar fatores ligados à conversão alimentar, interação genótipos e ambientes (GxE), e bem-estar animal via diferentes métodos estatísticos, em duas linhagens de codornas de corte pertencentes à Universidade Federal de Viçosa. Para avaliação da conversão alimentar, parâmetros genéticos foram estimados por meio de modelos multicaracterísticos via inferência bayesiana, para as seguintes características: conversão alimentar individual de 21 a 28 (FC_{21-28}) e de 28 a 35 dias de idade (FC_{28-35}); ganho de peso corporal de 1 a 21 (BWG_{1-21}), 21 a 28 (BWG_{21-28}), 28 a 35 (BWG_{28-35}) e de 1 a 35 (BWG_{1-35}) dias de idade. As maiores estimativas de correlação genética encontradas para a UFV1 foram de 0.81 e 0.69 entre BWG_{21-28} e BWG_{1-35} , e FC_{21-28} e FC_{28-35} , respectivamente; e para a linha UFV2, foram de 0.88, e -0.76, entre BWG_{28-35} e BWG_{1-35} , e FC_{28-35} e BWG_{1-35} , respectivamente. As estimativas de herdabilidade para a linhagem UFV1 para BWG_{21-28} e FC_{21-28} foram 0.69 e 0.55, respectivamente; enquanto que para a linhagem UFV2, as herdabilidades para BWG_{28-35} e FC_{28-35} foram 0.68 e 0.37. Sugere-se como critérios de seleção as características BWG_{21-28} e FC_{21-28} para a linha UFV1; e BWG_{28-35} para a linha UFV2. Para investigar a GxE foram utilizados diferentes níveis proteicos na dieta (PL), via modelos de normas de reação (RNM). Os RNM foram comparados por meio dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Schwarz Bayesian (BIC). O RNM superou o modelo tradicional desconsiderando $G \times E$ e sugeriu interação entre genótipo e nível de proteína na dieta ($G \times PL$) para ganho de peso aos 28 e 35 dias de idade. As herdabilidades de moderada a alta magnitude observadas aumentaram em relação ao PL, sugerindo a existência de $G \times PL$ para características de crescimento em codornas de corte. Para avaliação de bem-estar foram utilizadas informações de imobilidade tônica, linhagem, sexo e idade dos animais, via análise de sobrevivência. Não houve significância da idade entre as duas linhagens, UFV1 ($P = 0.1493$) e UFV2 ($P = 0.2583$). O teste logrank indicou diferença significativa ($P = 0.0407$) entre os níveis de linhagem/sexo aos 14 dias de idade. Observou-se que os machos da linhagem UFV2 apresenta maior comportamento de medo em relação aos machos da linhagem UFV1. Deste modo, acredita-se que seja possível reduzir os custos do programa de melhoramento relacionados principalmente à alimentação de animais não selecionados e mão-de-obra com fenotipagem.

ABSTRACT

CAETANO, Giovanni da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2018. **Individual feed conversion, genotype x protein levels interaction, and tonic immobility analysis in meat quails.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

The evolution of the animal protein production chain and the greater market demand for final product quality reinforce the importance of development and/or improve tools applied to animal breeding, aiming for sustainable genetic progress. The objective of this study was to investigate factors related to feed conversion, interaction genotypes and environments (GxE), and animal welfare through different statistical methods, in two lines of meat quail belonging to the Breeding Farm of the Federal University of Viçosa. In order to evaluate feed conversion, genetic parameters were estimated by means of multi-trait models via Bayesian inference, for the following characteristics: individual feed conversion from 21 to 28 (FC₂₁₋₂₈) and from 28 to 35 days of age (FC₂₈₋₃₅); body weight gain from 1 to 21 (BWG₁₋₂₁), 21-28 (BWG₂₁₋₂₈), 28-35 (BWG₂₈₋₃₅) and from 1 to 35 (BWG₁₋₃₅) days of age. The highest estimates of genetic correlation found for UFV1 were 0.81 and 0.69 between BWG₂₁₋₂₈ and BWG₁₋₃₅, and FC₂₁₋₂₈ and FC₂₈₋₃₅, respectively; and for the UFV2 line, were 0.88, and -0.76, between BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅, and FC₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅, respectively. The heritability estimates for strain UFV1 for BWG₂₁₋₂₈ and FC₂₁₋₂₈ were 0.69 and 0.55, respectively; while for the UFV2 strain the heritabilities for BWG₂₈₋₃₅ and FC₂₈₋₃₅ were 0.68 and 0.37. It is suggested as selection criteria the characteristics BWG₂₁₋₂₈ and FC₂₁₋₂₈ for the UFV1 line; and BWG₂₈₋₃₅ for the UFV2 line. To investigate the GxE, different protein levels in the diet (PL) were used, through reaction norms models (RNM). The RNM were compared using the Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria. The RNM overcame the traditional model, disregarding $G \times E$ and suggested interaction between genotype and protein level in the diet ($G \times PL$) for weight gain at 28 and 35 days of age. The observed moderate to high heritability increased in relation to PL, suggesting the existence of $G \times PL$ for growth characteristics in quail. For welfare evaluation, tonic immobility, lineage, sex and age of the animals were used via survival analysis. There was no age significance between the two strains, UFV1 ($P = 0.1493$) and UFV2 ($P = 0.2583$). The logrank test indicated a significant difference ($P = 0.0407$) between lineage / sex levels at 14 days of age. It was observed that the males of the UFV2 lineage presented higher fear behavior in relation to the males of the UFV1 lineage. In this way, it is believed that it is possible to reduce the costs of the breeding program related mainly to feeding of unselected animals and labor with phenotyping.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A coturnicultura no Brasil vem crescendo de maneira considerável, e se tornando uma atividade atrativa e rentável. Estima-se que o número de codornas nos últimos anos quase duplicou (SILVA et al., 2013), de modo que a produção de carne tornou-se uma atividade importante no país para atingir uma gama diferente do mercado consumidor.

Vários fatores estão ligados à este sucesso, como, maturidade sexual precoce, curto intervalo de geração, baixa exigência de espaço de criação comparados à outras espécies domésticas, alta produção de ovos, baixo custo associado a seu pequeno tamanho corporal, resistência a doenças e a possibilidade de rápido retorno do capital investido, aliados a qualidade de sua carne e ovo. Entretanto, a grande evolução da avicultura de corte e postura é decorrente, principalmente, da utilização dos recursos do melhoramento genético, que é uma das principais ferramentas utilizadas para incrementar avanços dentro da cadeia produtiva, e está interligada com outras áreas como: manejo, ambiência, nutrição e biossegurança.

As inovações tecnológicas destas áreas correlatas são orientadoras dos programas de seleção que visam a maximizar o bem-estar animal e a expressão genética dos animais no ambiente real de produção. Assim, os programas de melhoramento genético, visando à melhorar as características de produção foram prosseguidos para garantir o futuro desta atividade (BONAFÉ et al., 2011; SILVA et al., 2013).

Neste contexto, a genética e o ambiente são fatores primordiais na expressão da maioria das características econômicas em animais de interesse zootécnico. Uma questão básica no melhoramento genético é, se a seleção dos animais praticada em determinado ambiente resulta em progresso genético em outro tipo de ambiente. Esse questionamento surge da constatação de que genótipos superiores em determinado ambiente podem não o ser em ambiente diferente (ALENCAR et al., 2005). A hipótese essencial que explica tal fato é a existência da interação entre genótipos e ambientes (GxE).

Dentre os fatores de ambiente nos sistemas de produção de codornas de corte, os níveis proteicos da dieta se destacam. A proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte (CORRÊA et al., 2007b), sendo responsável por considerável parte do custo de programas de seleção. Uma estratégia para diminuir esse custo seria utilizar dietas com níveis de proteína bruta abaixo daquele que maximiza a produção ou o lucro. Porém, essa estratégia só resulta em predições de valores genéticos válidos para dietas com

diferentes níveis proteicos se houver homogeneidade na sensibilidade dos valores genéticos dos indivíduos à modificação do nível de proteína bruta da dieta.

No Brasil, existem diversas pesquisas que visam a estabelecer o desempenho máximo de codornas de linhagens específicas quanto aos níveis proteicos da dieta (FRIDRICH et al., 2005a; CORRÊA et al., 2005; CORRÊA et al., 2007a, b, c; CORRÊA et al., 2008; FELIPE et al., 2012; VELOSO et al., 2012; MUNIZ, 2013), quanto aos níveis de aminoácidos sulfurosos, como metionina + cistina (CORRÊA et al., 2006; FELIPE, 2010), e de lisina (CORRÊA et al., 2007d) e da interação genótipo específico versus nível nutricional da dieta (VALENTE et al., 2006). Porém, ainda há a necessidade da realização de mais pesquisas cujos resultados podem favorecer a elaboração de programas de nutrição mais adequados, de acordo com a aptidão de cada linhagem.

Nas linhagens de codornas de corte mantidas sob avaliação genética, o conhecimento de parâmetros genéticos das características de importância econômica torna a seleção mais eficiente e seu constante estudo no decorrer das gerações possibilita saber como as características estão se alterando geneticamente.

Pesquisas relacionadas à estimação de parâmetros genéticos para características relacionadas à eficiência alimentar em períodos parciais de produção são escassas, ou mesmo inexistentes, na literatura. As pesquisas desenvolvidas até o momento, em sua maioria, são tomadas com codornas de postura e em experimentos com dados de grupo de animais e não individuais (TEIXEIRA et al., 2012; TEIXEIRA et al., 2013; VARKOOHI et al., 2010; VARKOOHI et al., 2011; FOOMANI et al., 2014) e avaliando apenas características de peso corporal (ALCÂNTARA et al., 2013; FRIDRICH et al., 2005a; MIRANDA et al., 2013; BARBIERI et al., 2015). Dessa forma, evidencia-se a necessidade de aumento de estudos neste segmento.

Vale ressaltar que apesar de existirem inúmeros estudos na área de avicultura, do progresso genético adquirido e dos avanços tecnológicos na produção mundial de proteína animal ao longo dos últimos anos, surge também novos desafios e novas exigências afim de aprimorar e/ou desenvolver novas técnicas e características da cadeia produtiva.

Atualmente o bem-estar animal vêm se tornando fundamental nos programas de melhoramento e revolucionando a cadeia produtiva de animais, visando à aprimorar sistemas sustentáveis de criação animal e produção de alimento. Essa preocupação tem crescido gradativamente, em razão do interesse despertado nos consumidores para conhecer a procedência dos produtos que fornecem a proteína de origem animal, e produtos que garantissem que os animais não passam por nenhum tipo de sofrimento.

Deste modo, o bem-estar animal tornou-se fator fundamental nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento, visando ao progresso genético de modo sustentável.

Estudos relacionados à fatores de bem-estar animal na avicultura destacam essa importância. A seleção para maior crescimento, melhor conversão alimentar e conformação resultam em efeitos correlacionados no comportamento (KJAER and MENCH, 2003). Linhagens de rápido crescimento mostram baixo nível de atividade comparadas à linhagens de corte de crescimento lento (BIZERAY et al., 2000; REITER and KURTRITZ, 2001), sentam, caminham, coçam-se menos e ficam mais na cama, comendo e bebendo (BOKKERS and KOENE, 2003) e fazem pouco banho de areia (VESTERGAARD and SANOTRA, 1999).

Tem sido reportado também que machos perdem certos elementos do movimento do comportamento de cortejar (DUNCAN, 2001). Duncan (2001) sugeriu que a deficiência do comportamento de cortejar e hiperagressividade poderiam estar ligadas geneticamente a características produtivas para as quais os reprodutores têm sido selecionados. Porém, não aplicar seleção sobre caracteres de comportamento reprodutivo pode não ser vantajoso por estas perdas estarem relacionadas à adaptabilidade (fitness) dos animais.

Consequências negativas de medo e estresse em aves incluem: desperdício de energia, perda de peso, baixa conversão alimentar, tamanho do ovo reduzido, diminuição da produção e qualidade do produto, maturidade sexual tardia, eclodibilidade e sistema imunológico comprometidos, instabilidade do desenvolvimento corporal, maior arranque de penas, maior probabilidade de lesão, dor, e até mesmo a morte (JONES, 1996; JONES and HOCKING, 1999). Portanto, a redução do medo e estresse em aves é importante em razão dos efeitos negativos desses estados sobre o desempenho e bem-estar animal (HEMSWORTH and BARNETT, 1989; MILLS and FAURE, 1990; JONES, 1996).

Reunindo todas estas informações, fica claro a importância da utilização da espécie *Coturnix coturnix* como animal modelo em pesquisas dentro dos programas de melhoramento genético animal, e a necessidade de maiores estudos voltados à obtenção de progresso genético sustentável, visando a atender as exigências do mercado consumidor por produtos de qualidade e aprimorar as técnicas existentes no melhoramento animal, como normas de reação para avaliação da interação entre genótipos e ambientes, métodos bayesianos para modelagem e avaliação genética, imobilidade tônica e análise de sobrevivência para avaliação de bem-estar animal, e diferentes *softwares* para análises estatísticas.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Investigar fatores ligados a eficiência alimentar, interação genótipos x níveis de proteína na dieta, e bem-estar animal, em codornas de corte de dois grupos genéticos da Granja de Melhoramento de Aves do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, via diferentes métodos estatísticos.

2.2. Objetivos Específicos

Objetivou-se no presente estudo, para dois grupos de codornas de corte:

- Estimar parâmetros genéticos para ganho de peso corporal (BWG) parcial e total e conversão alimentar individual (FC) por meio de modelos multicaracterísticos via inferência Bayesiana, a fim de verificar a possibilidade de usar períodos parciais como critério de seleção em programas de melhoramento para codornas de corte.
- Investigar a presença de interação de genótipos x níveis de proteína na ração sobre o peso corporal aos 28 e 35 dias por meio de modelos de normas de reação.
- Objetivou-se investigar a influência de possíveis fatores (linhagem, sexo e idade) sobre o comportamento de medo em codornas de corte (*Coturnix Coturnix*) medido por meio de imobilidade tônica (IT) usando análise de sobrevivência (método não paramétrico de Kaplan-Meyer, via teste logrank).

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Interação entre Genótipos e Ambientes (GxE)

Estudos da interação genótipos e ambientes (GxE) iniciaram-se por volta do século XX e, em geral, visavam a estabelecer se a seleção deveria ser praticada no ambiente em que o animal seria criado ou em ambiente melhorado, para que o indivíduo pudesse expressar o máximo do seu potencial genético (FRIDRICH et al., 2005b), uma vez que existem divergências entre pesquisadores na recomendação quanto ao ambiente de criação dos animais avaliados.

Uma característica, em ambientes distintos, pode ser interpretada como sendo características diferentes, uma vez que os genes que a controlam em determinado ambiente, podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro, sendo que os mecanismos fisiológicos são de algum modo diferente (FALCONER,

1952). Assim, pode-se deduzir que o método de avaliação dos animais em condições reais de criação é o mais adequado.

Segundo DICKERSON (1962), a mudança genética em um ambiente diferente do ambiente de seleção é proporcional à correlação genética entre o desempenho nos dois ambientes. As correlações genéticas, entre as mesmas características em ambientes diferentes, quando altas, evidenciam pouca importância da GxE, e, quando baixas, indicam que os desempenhos são diferentes.

A GxE pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais e, por conseguinte, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças na ordenação de animais a serem selecionados, dependendo do ambiente. (ALENCAR et al., 2005).

Diante do que foi exposto, fica claro que a identificação dessas interações contribui para o aumento da eficiência de seleção em animais de interesse zootécnico.

3.2. Modelos de normas de reação (RNM)

Características que podem ser medidas várias vezes ao longo da vida são consideradas como longitudinais. Como exemplos citam-se o ganho de peso, peso corporal, produção de leite, produção de ovos, conversão alimentar, entre outras.

Neste contexto, o estudo de modelos de regressão aleatória (RRM) pode auxiliar nos programas de melhoramento, por aproveitar melhor as informações, contornar a superparametrização das análises multicaracterísticas, e ser menos sensível a dados perdidos, o que possibilita obter estimativas de parâmetros e predição de valores genéticos mais precisos e acurados com relação aos modelos multicaracterístico e de repetibilidade (MEYER, 2004). A principal vantagem deste modelo é que, além de fazer melhor uso das informações disponíveis, inclui uma função aninhada dentro de um efeito aleatório, o que permite que os componentes de variância se modifiquem ao longo de uma trajetória (KOLMODIN, 2003).

RNM permitem ajustar a trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, descrevendo os desvios genéticos a partir de regressões fixas, permitindo que cada animal tenha uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos (MERCADANTE et al., 2002). Em notação matricial os RRM podem ser representados por:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das N observações; \mathbf{b} é o vetor de efeitos sistemáticos e dos coeficientes de regressão fixa; \mathbf{a} é o vetor de coeficientes de regressão aleatória genético aditivo; \mathbf{c} é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente; \mathbf{e} é o vetor de efeito aleatório residual; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são, respectivamente, as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatório genético aditivo e de ambiente permanente.

Além disso, estes modelos são utilizados para predição de normas de reação, curvas de crescimento, curvas de lactação ou curvas de produção de ovos (KOLMODIN, 2002).

Normas de reação são descritas como mudanças sistemáticas na expressão média de uma característica fenotípica que ocorre em resposta à mudança sistemática de uma variável ambiental (JONG, 1990), ou seja, o fenótipo expresso a partir de um genótipo é função do ambiente.

A vantagem deste modelo é que o valor genético é predito ao longo do gradiente ambiental de forma contínua sendo possível avaliar a sensibilidade da característica às mudanças de ambiente (JONG and BIJMA, 2002). O modelo de normas de reação foi utilizado pela primeira vez para identificar a existência de interação em bovinos de leite Nórdicos em quatro países (Finlândia, Suíça, Dinamarca e Noruega) por KOLMODIN et al. (2002). Em codornas de corte, SANTOS et al. (2008) utilizaram normas de reação para descrever a sensibilidade de peso em duas idades de codornas de corte de dois grupos genéticos alimentadas com dietas contendo diferentes níveis proteicos e mostraram a variação nos componentes de (co)variância e herdabilidade com a mudança de gradiente ambiental, usando normas de reação para caracterizar a presença ou ausência de GxE.

Diferenças nas estimativas de herdabilidade da mesma característica, medidas sob diferentes condições ambientais, podem ser indicativo de presença de GxE (VAN VLECK, 1963; VENCOVSKY and PACKER, 1976). Isto ocorrerá sempre que diferenças entre os ambientes sejam suficientes para influir sobre a expressão da variância genética aditiva. Entretanto, poderá ocorrer mudança também na variância total apresentada pela característica, imposta por modificações da variância residual, constituindo causa das diferenças observadas nas estimativas da herdabilidade.

3.3. Modelos Bayesianos

Um dos principais objetivos da estatística é realizar inferência sobre os parâmetros de um modelo. Na abordagem Frequentista, os parâmetros desconhecidos são considerados fixos e toda a análise é baseada nas informações contidas na amostra dos dados, ou seja, distribuições inferenciais são assumidas para os estimadores dos parâmetros, e não

propriamente para os parâmetros, tal como na Inferências Bayesiana (PAULINO et al., 2003).

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

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

Deste modo, para se realizar uma inferência Bayesiana é necessário assumir uma função densidade de probabilidade *a priori* $P(\theta)$, que combinada com a função de verossimilhança $L(y_1, \dots, y_n | \theta)$, por meio do teorema de Bayes, gera a função densidade de probabilidade *a posteriori* $P(\theta | Y_n)$.

$$P(\theta | Y_n) = \frac{L(Y_n | \theta)P(\theta)}{\int L(Y_n | \theta)P(\theta)d\theta}. \quad (1)$$

Em geral, o denominador em (1) é omitido por não depender de θ , sendo possível reescrever o Teorema de Bayes da seguinte maneira:

$$P(\theta | Y) \propto L(Y_n | \theta)P(\theta) \quad (2)$$

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

Toda a inferência sobre o parâmetro θ é realizada por meio da distribuição densidade *a posteriori* $P(\theta | Y_n)$. Para se inferir em relação a qualquer elemento de θ , deve-se integrar a distribuição *a posteriori* conjunta dos parâmetros, $P(\theta | Y_n)$, em relação

a todos os outros parâmetros. Assim, se o interesse do pesquisador se concentra sobre determinado conjunto de θ , por exemplo, θ_1 , necessita-se a obtenção da distribuição $P(\theta_1|Y)$, denominada de distribuição marginal a posteriori, dada por:

$$P(\theta_1|Y) = \int_{\theta \neq \theta_1} P(\theta|Y) d\theta_{\theta \neq \theta_1}. \quad (3)$$

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

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

O algoritmo Metropolis-Hastings é utilizado principalmente quando as distribuições condicionais completas *a posteriori* dos parâmetros não possuem forma fechada, ou seja, não é possível amostrar valores diretamente destas distribuições (i.e. não são caracterizadas de seus distribuições de probabilidade conhecidas). Para a implementação deste algoritmo é necessário considerar uma distribuição conhecida denominada de candidata, de forma que o valor gerado pela mesma é aceito ou não (via critério probabilístico) como sendo um valor da distribuição condicional completa desconhecida. O amostrador de Gibbs é um caso particular do algoritmo Metropolis-Hastings, e gera valores diretamente das distribuições condicionais completas *a posteriori* pois estas devem ser caracterizadas como distribuições de probabilidade conhecidas.

Como os algoritmos MCMC são processos iterativos, a avaliação da convergência se faz necessária. Dentre os métodos mais utilizados para avaliação da convergência das

cadeias MCMC destacam-se o HEIDELBERGER & WELCH (1983), GEWEKE (1992) e RAFTERY & LEWIS (1992).

3.4. Imobilidade Tônica (IT)

Os diversos tipos de comportamento, inclusive o medo, são exemplos de características quantitativas complexas influenciadas por múltiplos genes, bem como por diversos fatores ambientais e são bastante estudadas em programas de melhoramento, nos quais, o bem-estar animal tem grande importância (SCHÜTZ et al., 2002). O medo é uma emoção desencadeada pela percepção do perigo (JONES, 1996), mais especificamente, esta sensação é um estado emocional resultante de estímulos aversivos e conduzem a alterações comportamentais e fisiológicas que ajudam o animal a lidar com esse estímulo.

Segundo DWYER (2004), em ambiente natural o medo pode favorecer no valor adaptativo do indivíduo e aumentar a probabilidade de escapar do perigo. Todavia, o medo pode ser uma grande fonte de estresse relacionado a doenças em animais de cativeiro. Por exemplo, os seres humanos podem ser considerados como potenciais predadores pelos animais quando estes não estão habituados ao ambiente e, portanto, o cativeiro pode ser uma fonte de manifestação do medo.

A seleção de aves com reduzido medo aos seres humanos afetará outras características, pois segundo AGNVALL et al. (2012), o comportamento de medo está geneticamente correlacionado aos comportamentos de forrageamento e de exploração, indicando que estes serão provavelmente herdados em conjunto.

BERTIN, ANNICK & YRI (2004) também enfatizaram a influência do ambiente de criação no comportamento das aves. Eles recomendaram o fornecimento de alimentos palatáveis como recompensa (sementes, por exemplo), manejo brando, contato visual com os humanos e se possível, presença da mãe com nível de medo menos acentuado na mesma gaiola. Tudo isto visando a tornar as codornas mais mansas, independentemente da idade, ou seja, o fenômeno de habituação pode ser obtido também em aves adultas.

Assim, o medo reduzido provavelmente foi um pré-requisito para o sucesso na domesticação, podendo-se deduzir que a reatividade aos seres humanos e outros eventos potencialmente perigosos foram os primeiros objetivos da seleção, intencionalmente ou não. Assim, animais com menor resposta ao medo estariam mais aptos a lidar com o cativeiro e, portanto, tiveram sobrevivência potencialmente maior durante o início da domesticação (CAMPLER, JÖNGREN & JENSEN, 2009).

Considerando-se a questão de sobrevivência, os comportamentos requerem custos energéticos, sendo importante que o animal selecionado para produção não gaste recursos em comportamentos que não melhoram a sua adaptabilidade ao ambiente onde a seleção é realizada (DEERENBERG & OVERKAMP, 1999). Isto é, a realocação de recursos para características relacionadas à produção pode diminuir as reservas biológicas deixadas para outros processos, como por exemplo, enfrentar o medo e o estresse aos novos estímulos, significando que a motivação social versus motivação de exploração pode estar relacionada a várias características ligadas à produção, tais como crescimento e consumo alimentar residual em aves (VÄISÄNEN, LINDQVIST & JENSEN, 2005).

Mecanismo como pleiotropia pode atuar provocando respostas correlacionadas à seleção (JENSEN, 2010; WIREN & JENSEN, 2011). Além do efeito de pleiotropia, diferenças comportamentais entre animais também podem ser influenciadas por deriva genética. Em adição, efeitos pleiotrópicos de QTLs (locos de característica quantitativa) podem oferecer os mecanismos genéticos para seleção correlacionada de características produtivas e comportamentais. SCHÜTZ et al. (2004), na varredura do genoma de galinhas, encontraram no cromossomo 1 QTL para duração de imobilidade tônica (IT) localizado na mesma posição de QTL para maior crescimento, sugerindo efeito pleiotrópico de um único QTL que influencia ambas as características.

Também, durante a domesticação, a seleção para aumentar peso do ovo e taxa de crescimento em galinha, pode ter simultaneamente causado as modificações de comportamento social e emocional, atribuído a um QTL maior no cromossoma 1, que provavelmente influencia tanto a produção quanto características comportamentais (WIREN & JENSEN, 2011). Assim, as análises de QTL poderiam auxiliar na detecção de marcadores ligados a genes envolvidos na regulação e no controle do comportamento.

Em decorrência de correlação genética entre características produtivas e comportamentais, a seleção para produção elevada deu origem a algumas respostas correlacionadas indesejadas nos animais de exploração em relação às características comportamentais (SCHÜTZ et al., 2002) e, como consequência, pode haver efeitos colaterais imprevisíveis sobre a capacidade de aves lidarem com os desafios ambientais em cativeiro. Associações entre características de produção e comportamentais são mais evidentes em populações cuja pressão de seleção para aumentar a produção tem sido mais intensa, de acordo com VÄISÄNEN, LINDQVIST & JENSEN (2005).

RICHARD et al. (2010) estudaram o comportamento de medo em codornas (*Coturnix japonica*) e sugeriram que a reatividade aos seres humanos é somente uma das

causas do medo, ou seja, as bases genéticas e neurobiológicas envolvidas com o medo aos seres humanos e a outros tipos de medo devem ser diferentes e este conhecimento deve ser levado em consideração em programas de seleção genética para reduzir o medo ou para investigar os fundamentos neurais deste comportamento.

Pesquisas apontam o tálamo e o hipotálamo como estruturas do encéfalo envolvidas nas respostas de medo e estresse, sendo que ambos mudaram significativamente durante a domesticação (SCHÜTZ et al., 2002). Ainda, em relação à anatomia do encéfalo, o nível de medo pode estar relacionado à expressão de genes específicos do cérebro, dos quais vários parecem estar relacionados a funções neurobiológicas (JÖNGREN et al., 2010). Resposta à seleção sobre caracteres comportamentais em aves, como no caso da imobilidade tônica, foi obtida experimentalmente (MILLS and FAURE, 1991) sugerindo que esta característica pode estar relacionada às modificações no controle simpático-vagal do coração, o qual pode influenciar na resposta a situações de estresse, contribuindo para o bem-estar animal (VALANCE et al. 2007). Jones et al. (1992) relatam que a resposta ao estresse de imobilização tem associação positiva com níveis plasmáticos de corticosterona.

Nas espécies domesticadas, o medo e a sociabilidade são traços particularmente influentes e a constatação de que estas características respondem à seleção artificial pode ter implicações importantes no desempenho e bem-estar de aves (MILLS e FAURE, 2000), pois esses comportamentos possuem forte componente genético (MILLS e FAURE, 1990; MILLS e FAURE, 1991). Pesquisas relacionadas à seleção mostram que as respostas de medo possuem elevada herdabilidade, e podem, portanto, serem moduladas em um tempo evolutivo relativamente curto. Os resultados dessas pesquisas evidenciam uma série de respostas correlacionadas, o que indica que o medo está relacionado à vários fatores fisiológicos e neurais (CAMPLER, JÖNGREN & JENSEN, 2009).

Para selecionar animais de acordo com o nível de medo, a técnica da observação de imobilidade tônica (IT) é bastante aceita. A IT é uma resposta ao medo potencializada, podendo ser induzida pela restrição física e caracteriza-se pela capacidade de resposta reduzida a estímulos externos (JONES & FAURE, 1981). A IT é representativa do comportamento de medo, sendo que o tempo de permanência em IT indica o nível de medo, isto é, quanto maior for o tempo de permanência no estado catatônico, mais amedrontado será o animal observado (JONES, 1996).

Na natureza, o comportamento de IT pode ajudar o animal a escapar dos predadores e influenciar na sua sobrevivência, sendo também conhecido como comportamento de morte fingida ou anti-predador (NAKAYAMA & MIYATAKE, 2010).

PELHAITREA et al. (2012) afirmaram que a seleção de animais com menor tempo em IT deve evitar níveis elevados de medo e melhorar a capacidade das aves de se adaptarem a desafios no ambiente de produção. Esta afirmação foi demonstrada por meio do teste de IT em duas populações de frangos de corte (*Gallus gallus domesticus*), em que a seleção divergente foi aplicada para aumentar (D+) / diminuir (D-) a digestibilidade. Além da alteração na morfologia destas duas populações, as aves apresentaram diferenças no comportamento, em que as da linhagem D+ permaneceram maior tempo em IT. Assim, os autores sugeriram que para aperfeiçoar a seleção de características de produção, como digestibilidade, deverão ser incluídas avaliações de IT, visando a considerar o bem-estar aos animais.

Codornas selecionadas para diminuir e aumentar o tempo em IT exibiram comportamento de medo semelhante quando foram apresentadas a um estímulo novo com intervenção humana reduzida, enquanto diferiram notadamente em suas reações de medo quando a situação envolveu manipulação humana (RICHARD et al., 2010), evidenciando que diferentes tipos de situações acarretam diferentes tipos de comportamento, sendo que o medo provocado pela presença humana deve ser minimizado em ambiente de criação visando à maior adaptação dos animais em cativeiro.

Ghareeb et al. (2008) demonstraram que a imobilidade tônica (IT) pode ser avaliada nas aves individualmente e utilizadas no programa de melhoramento para selecionar animais com características de personalidade mais desejável. Assim, a investigação de comportamento de medo em codornas de corte, criadas em sistema de produção semelhante ao de frangos pode esclarecer essas divergências encontradas na literatura e acrescentar maior conhecimento sobre a influência deste comportamento nas características de interesse zootécnico e também no bem-estar animal. Para avaliação do comportamento de IT de codornas, o emprego da análise de sobrevivência é apropriado já que, muitas vezes, o interessante para o pesquisador é o tempo até a ocorrência de um evento e não apenas se o evento ocorre (ALLORE et al., 2001).

3.5. Análise de sobrevivência

Particularidades

A principal variável em análises de sobrevivência é o “tempo de sobrevivência”, que é um termo usado para denominar o período de tempo de um ponto de partida até a ocorrência de um evento (LEE & GO, 1997). O tempo de sobrevivência é uma variável aleatória contínua e não negativa do intervalo de tempo medido a partir de uma origem até

a ocorrência de um determinado evento (BASTOS & ROCHA, 2006). Em razão de algumas particularidades, não é possível analisar o tempo de sobrevivência utilizando métodos estatísticos convencionais, isto porque, pode apresentar período maior ou menor do que a duração do tempo de estudo (ou tempo de observação), denominado de censura. Além disso, o tempo de sobrevivência, na maioria das vezes, segue uma distribuição assimétrica, isto é, que não é a normal (COLOSIMO & GIOLO, 2006).

A distribuição do tempo de sobrevivência pode ser caracterizada por qualquer uma das seguintes funções definidas por Bastos e Rocha (2006):

- a) Função densidade de probabilidade: chama-se função densidade de probabilidade, $f(t)$, à função definida por:

$$f(t) = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{P(t < T \leq t + \Delta t)}{\Delta t}, 0 \leq t < \infty$$

É também conhecida como taxa de falha incondicional. No contexto da análise de sobrevivência, a função $f(t)$ pode ser interpretada como a probabilidade de um indivíduo sofrer o acontecimento de interesse no intervalo $(t, t + \Delta t)$, em que $\Delta t \rightarrow 0$.

- b) Função de distribuição: a função de distribuição representa a probabilidade $F(t)$ de ocorrência do acontecimento de interesse até ao instante t e é definida por:

$$F(t) = P(T \leq t), 0 \leq t < \infty .$$

- c) Função de sobrevivência: denomina-se função de sobrevivência, $S(t)$, à probabilidade de ocorrência do acontecimento de interesse após o instante t . É definida por $S(t) = P(T > t) = 1 - F(t)$, em que $F(t)$ é a função de distribuição de T . $S(t) = 1$ quando $t = 0$ e $S(t) = 0$ quando $t = \text{infinito } (\infty)$. O gráfico de $S(t)$ é conhecido como curva de sobrevivência que se inicia com $S(t) = 1$ e decresce até 0 quando t tende ao ∞ . Em termos clínicos, a função de sobrevivência representa a probabilidade de um indivíduo sobreviver para além do instante t .

- d) Função de risco (hazard function): fornece a taxa de falha condicional. Também chamada de taxa de falha instantânea ou taxa de falha de idade específica, representa a taxa instantânea de morte de um indivíduo no instante t , sabendo que sobreviveu até esse instante.

$$h(t) = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{P[(t \leq T < t + \Delta t) | T \geq t]}{\Delta t} = \frac{f(t)}{S(t)}$$

- e) Função de risco cumulativa: mede o risco de ocorrência do acontecimento de interesse até ao instante t . A função de risco cumulativa, que é uma função

monótona não decrescente, pode ser obtida a partir da função de sobrevivência, uma vez que: $S(t) = \exp(-H(t)) \Leftrightarrow H(t) = -\ln S(t)$.

Censura

A principal característica da análise de sobrevivência é a utilização de todas as informações disponíveis, a partir de animais vivos ou mortos no momento em que a análise é realizada, sendo que estes desenvolveram o evento ou foram censurados (DUCROCQ, BESBES & PROTAIS, 2000; BOTELHO, SILVA & CRUZ, 2009). Os tempos verdadeiros de observações censuradas não são exatamente conhecidos (RADKE, 2003). A censura ocorre quando não é possível observar o evento de interesse, denominado “falha”, durante o período de tempo em que o indivíduo está em observação (BASTOS & ROCHA, 2006).

Modelos de análise de dados de sobrevivência

Após a coleta dos dados de tempo de eventos é importante descrevê-los por análise de métodos gráficos, utilizando-se a curva de sobrevivência. Esta visualização permite avaliar o padrão temporal dos dados e também ajuda a identificar uma forma adequada da distribuição para os dados (STEVENSON, 2009).

Os tempos coletados podem ser classificados como não paramétricos, semi-paramétricos e paramétricos. Os avanços nos programas estatísticos e na capacidade de armazenamento e velocidade de processamento de dados pelos computadores conduziram ao rápido desenvolvimento e popularidade de procedimentos não paramétricos em relação aos paramétricos. O primeiro requer condições menos rigorosas, mas se as premissas para métodos paramétricos forem atendidas, as estimativas resultantes têm menores erros-padrão e são mais fáceis de serem interpretadas (LEE & GO, 1997).

Assim, se os dados são consistentes com uma distribuição paramétrica, então os modelos parâmetros podem ser usados para descrever eficientemente o padrão de sobrevivência e a inferência estatística pode ser baseada na distribuição escolhida. Já os métodos não-paramétricos são utilizados quando nenhuma distribuição teórica se ajusta adequadamente aos dados. Existem três métodos não paramétricos para descrever dados de tempo de eventos: (1) o método de Kaplan-Meier, (2) o método tabela de vida e (3) o método de Nelson-Aalen (COLOSIMO & GIOLO, 2006).

O método de Kaplan-Meier (KM) é baseado em tempos de sobrevivência individual e assume que a censura é independente do tempo de sobrevivência, ou seja, a razão pela

qual uma observação é censurada não está relacionada com a causa de falha (evento de interesse). Este método é útil para a obtenção de uma primeira indicação do formato do tempo para a curva do evento, para ajustamento de modelos mais complexos (KAPLAN & MEIER, 1958). É também, semelhante à técnica não-paramétrica de estimativa de máxima verossimilhança e a estimativa de sobrevivência obtida é o produto de uma série de probabilidades condicionais.

O estimador de KM para o tempo t é mostrado na equação:

$$S(t) = \prod_{j:t_j \leq t} \frac{(r_j - d_j)}{r_j}, \text{ para } 0 \leq t \leq t^+$$

O estimador KM é preferível aos de tabela de vida e de Nelson-Aalen, pois é não viesado para amostras grandes e é fracamente consistente, isto é, converge assintoticamente para um processo gaussiano (estimador de Máxima Verossimilhança de $S(t)$).

Assim, o método de Kaplan-Meier para estimar a função de sobrevivência e o modelo de Cox para identificar fatores de risco e obter taxas de risco ajustados são os mais empregados nas análises estatísticas. Nos casos em que as pressuposições de riscos proporcionais não são sustentáveis, os dados podem ser estratificados e um modelo ajustado com diferentes funções básicas em cada estrato (COLOSIMO & GIOLO, 2006).

O teste de *logrank* (também conhecido como teste Mantel log-rank, teste Cox-Mantel e teste Mantel-Haenszel) é o mais comumente utilizado para a comparação de distribuições de sobrevivência. É aplicável a dados onde há censura progressiva e dá um peso igual a falhas precoces e tardias. Assume que as funções de risco para os dois grupos são paralelas (COLOSIMO & GIOLO, 2006). O teste *Logrank* (MANTEL, 1966) é o mais usado em análise de sobrevivência e é particularmente apropriado quando a razão das funções de risco dos grupos a serem comparados é aproximadamente constante. Isto é, as populações têm a propriedade de riscos proporcionais. A estatística desse teste é a diferença entre o número observado de falhas em cada grupo e uma quantidade que, para muitos propósitos, pode ser pensada como o correspondente número esperado de falhas sob a hipótese nula. A expressão do teste *Logrank* é obtida de forma similar à do conhecido teste de Mantel-Haenszel (1959), para combinar tabelas de contingência. O teste *Logrank* tem, também, a mesma expressão do teste score para o modelo de regressão de Cox.

Aplicação da análise de sobrevivência em melhoramento animal

A análise de sobrevivência vem sendo cada vez mais utilizada desde o trabalho pioneiro de SMITH & QUASS, 1984. Esta metodologia vem sendo aplicada com bastante eficiência em característica relacionado à longevidade animal. Trabalho realizado por ESSL (1998) afirmou que a análise de sobrevivência é o método adequado para avaliação genética de características de longevidade.

Como exemplo, em rebanho leiteiro, análise de longevidade na lactação como forma adequada de contabilizar o estágio de lactação, deu melhor ajuste do modelo pela análise de sobrevivência comparada à análise convencional da longevidade, sendo que a razão para isto foi, provavelmente, a descrição melhor dos dados, com base em riscos diferentes em lactações diferentes (ROXTRÖM, DUCROCQ & STRANDBERG, 2003).

Pesquisa realizada por SAMORÉ et al. (2003), que estudaram a relação entre escores de células somáticas e longevidade produtiva de vacas leiteiras da raça Holstein-Friesian, também constataram benefícios da análise de sobrevivência na predição do valor genético dos animais para longevidade, bem como na estimação da correlação entre estas características.

Ainda, a avaliação genética de bovinos de corte para longevidade produtiva empregando análise de sobrevivência foi capaz de fornecer estimativas de sobrevivência para cada dia durante toda a vida produtiva e não apenas em alguns momentos específicos, como ocorre ao se empregar um modelo linear. Além disso, a análise de sobrevivência foi capaz de utilizar todas as informações disponíveis, tanto de vacas em produção como das descartadas e fornecer valores genéticos mais acurados, sem perder informações úteis. Outra vantagem da análise de sobrevivência foi a capacidade de explicar o efeito de rebanho-ano e a variação no tamanho do rebanho, que são variáveis tempos dependentes e que afetam a longevidade da vaca (FORABOSCO et al., 2006).

A análise de sobrevivência também foi utilizada com eficiência para demonstrar a taxa de mortalidade na criação de galinhas na qual o melhoramento genético é aplicado, sendo que os animais podem ser geneticamente melhorados quanto a sua viabilidade (DUCROCQ, BESBES & PROTAIS, 2000).

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGNVALL, B.; JÖNGRN, M.; STRANDBERG, E.; JENSEN, P. Heritability and Genetic Correlations of Fear-Related Behaviour in Red Junglefowl–Possible Implications for Early Domestication. **PLoS One**, v.7, e 35162, 2012.
- ALCÂNTARA, D.C.; MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; PIRES, A.V.; ALMEIDA E SILVA, M.; D'ÁVILA, H.J. Desempenho de diferentes grupos genéticos de codornas e correlações fenotípicas entre peso corporal e ganho em peso. In: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2013, Uberaba. **Anais...** Uberaba: SBMA, 2013.
- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- ALLORE, H.G.; WARNICK, L.D.; HERTL, J.; GRÖHN, Y.T. Censoring in survival analysis: a simulation study of the effect of milk yield on conception. **Preventive Veterinary Medicine**, v.49, p.223–234, 2001.
- BARBIERI, A.; ONO, R.K.; CURSINO, L.L.; FARAH, M.M.; PIRES, M.P.; BERTIPAGLIA, T.S.; PIRES, A.V.; CAVANI, L.; CARRENO, L.O.D. and FONSECA, R. Genetic parameters for body weight in meat quail. **Poultry Science**, v.94, p.169–171, 2015.
- BASTOS, J.; ROCHA, C. Análise de Sobrevivência: Conceitos Básicos. **Arquivos de Medicina**, v.20, p.185–187, 2006.
- BERTIN, A.; ANNICK, M.; YRI, R. Mothers' fear of human affects the emotional reactivity of young in domestic Japanese quail. **Applied Animal Behaviour Science**, v.89, p.215-231, 2004.
- BIZERAY, D.; LETERRIER, C.; CONSTANTIN, P. et al. Early locomotor behavior in genetic stocks of chickens with different growth rates. **Applied Animal Behavior Science** v.68, p.231–242, 2000.
- BOKKERS, A.M.; KOENE, P. Behaviour of fast- and slow growing broilers to 12 weeks of age and the physical consequences. **Applied Animal Behaviour Science** v.81, p.59–72, 2003.
- BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.40, n.4, p.765-771, 2011.
- BOTELHO, F.; SILVA, C.; CRUZ, F. Epidemiologia explicada – Análise de Sobrevivência. **Acta Urológica**, v.26; p.33-38, 2009.
- CAMPLER, M.; JÖNGREN, M.; JENSEN, P. Fearfulness in red junglefowl and domesticated White Leghorn chickens. **Behavioural Processes**, v.81, p.39-43, 2009.

- COLOSIMO, E.A.; GIOLO, S.R. **Análise de Sobrevivência Aplicada**. 1.ed. São Paulo: Edgard Blücher, 2006. 370 p.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA A.B.; FONTES, D.O.; SANTOS, G.G.; LIMA NETO, H.R. Nível de proteína bruta para codornas de corte durante o período de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.1, p.209-217, 2008.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; FONTES, D.O.; SANTOS, G.G.; DIONELLO, N.L.; WENCESLAU, R.R.; FELIPE, V.P.S.; FERREIRA, I.C.; SOUSA, J.E.R. Desempenho de codornas de corte EV1 alimentadas com diferentes níveis de lisina na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.1545-1553, 2007d.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; ALMEIDA, V.; FONTES, D.O.; TORRES, R.A.; DIONELLO, N.J.L.; FREITAS, L.S.; VENTURA, R.V.; PAULO, A.A.; SILVA, J.V.; SANTOS, G.G. Exigência de metionina + cistina para codornas de corte em crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.414-420, 2006.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; ALMEIDA, V.; FONTES, D.O.; TORRES, R.A.; DIONELLO, N.J.L. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável em codornas de corte durante a fase de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.488-494, 2007a.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; FONTES, D.O.; TORRES, R.A.; DIONELLO, N.J.L.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.797-804, 2007b.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; FONTES, D.O.; SANTOS, G.G.; TORRES, R.A.; DIONELLO, N.J.L.; FREITAS, L.S.; FRIDRICH, A.B. Exigências em proteína bruta para codornas de corte EV1 em crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.1278-1286, 2007c.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; FONTES, D.O.; CORRÊA, A.B.; EULER, A.C.C.; FRIDRICH, A.B.; FERREIRA, I.C.; VENTURA, R.V.; RUFINO, J.E.; VALENTE, B.D. Efeito de diferentes níveis de proteína e energia sobre o rendimento de carcaça de codornas européias. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.266-271, 2005.
- DEERENBERG, C., OVERKAMP, G.J.F. Hard work impinges on fitness: na experimental study with zebra finches. **Animal Behaviour**, v.58 p.173–179, 1999.
- DICKERSON, G.E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, n.1, p.47-63. 1962.
- DUCROCQ, V.; BESBES, B.; PROTAIS, M. Genetic improvement of laying hens viability using survival analysis. **Genetics Selection Evolution**, v.32, p.23–40, 2000.

- DUNCAN, I.J.H. Animal welfare issues in the poultry industry: Is there a lesson to be learned? **Journal of Applied Animal Welfare Science** v.4, p.207–221, 2001.
- DWYER, C. How has the risk of predation shaped the behavioural responses of sheep to fear and distress? **Animal Welfare**, v.13, p.269-281, 2004.
- ESSL, A. Longevity in dairy cattle breeding: a review. **Livestock Production Science**, v.57, p.79–89, 1998.
- FALCONER, D.S. **The problem of environment and selection**. *Am. Nat.*, v.86, p.293-298, 1952.
- FELIPE, V.P.S. Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte. 2010. 61f. **Dissertação** (Mestrado) - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte, 2010.
- FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; Wenceslau, R.R.; VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.64, n.4, p.991-1000, 2012.
- FOOMANI, N.N.; ZEREHDARAN, S.; AZARI, M.A.; LOTFI, E. Genetic parameters for feed efficiency and body weight traits in Japanese quail. *Brit. Poultry Science*, v.55, p.298-304, 2014.
- FORABOSCO, F.; BOZZI, R.; FILIPPINI, F.; BOETTCHER, P.; VAN ARENDONK, J.A.M.; BIJMA, P. Linear model vs. survival analysis for genetic evaluation of sires for longevity in Chianina beef cattle. **Livestock Science**, v.101, p.191–198, 2006.
- FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, L.O.C.; SAKAGUTI, E.S.; FERREIRA, I.C.; VALENTE, B.D. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.5, p.663-672, 2005b.
- FRIDRICH, A.B.; VALENTE, B.D.; FELIPE-SILVA, A.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, G.S.S.; FONTES, D.O.; FERREIRA, I.C. Exigência de proteína bruta para codornas européias no período de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.57, n.2, p.261-265, 2005a.
- GELFAND, A.E. Gibbs sampling. **Journal of the American Statistical Association**, v.95, n.452, p.1300–1304, 2000.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In, *Bayesian Statistics 4*, J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith (eds.), pp. 169-193. Oxford University Press. 1992.
- GHAREEB, K.; AWAD, W. A.; NIEBUHR, K.; BÖHM, J.; TROXLER, J. Individual differences in fear and social reinstatement behavior in laying hens. **International Journal of Poultry Science**, v.7, p.843-851, 2008.

- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. *Operation Research*, 31, p.1109-1144, 1983.
- HEMSWORTH, P.H.; BARNETT, J.L. Relationships between fear of humans, productivity and cage position of laying hens. **British Poultry Science**, v.30, p.505-518, 1989.
- JENSEN, P. Domestication, selection, behaviour and welfare of animals – genetic mechanisms for rapid responses. **Animal Welfare**, v.19, p.7-9, 2010.
- JONES, R.B. Fear and adaptability in poultry: insights, implications and imperatives. **World Poultry Science Journal**, v.52, p.131-174, 1996.
- JONES, R.B.; FAURE, J.M. Tonic immobility (“righting time”) in laying hens housed in cages and pens. **Applied Animal Ethology**, v.1, p.369-372, 1981.
- JONES, R.B.; HOCKING, P.M. Genetic selection for poultry behaviour: Big bad wolf or friend in need? **Animal Welfare**, v.8, p.343-359, 1999.
- JONES, R.B.; SATTERLEE, D.G.; RYDER, F.H. Openfield behavior of Japanese quail genetically selected for low or high plasma corticosterone response to immobilization stress. **Poultry Science**. v.71, p.1403-1407. 1992.
- JONG, G. e BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, p.195-214, 2002.
- JONG, G. Quantitative genetics of reaction norms. **Journal of Evolutionary Biology**, v.3, p.447-468, 1990.
- JÖNGREN, M.; WESTANDER, J.; NÄTT, D.; JENSEN, P. Brain gene expression in relation to fearfulness in female red junglefowl (*Gallus gallus*). **Genes, Brain and Behavior**, v.9, p.751-758, 2010.
- KAPLAN, E.L.; MEIER, P. Nonparametric estimation from incomplete observation. **Journal of the American Statistical Association**, v.53, n. 282, p.457-481, 1958.
- KJAER, J.B.; MENCH, J.A. Behaviour problems associated with selection for increased production. In: Muir, W.M. and Aggrey, S.E. **Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology**. CABI International, Wallingford, UK, p.67-82, 2003.
- KOLMODIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. Uppsala: Swedish University of Agricultural Sciences, 2003. 35p. Doctoral thesis. Department of Animal Breeding and Genetics, 2003.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science**, v.52, p.11-24, 2002.
- LEE, E.T.; GO, O.T. Survival analysis in public health research. **Annual Review of Public Health**, v.18, p.105-34, 1997.
- MANTEL, N. Evaluation of survival data and two new rank order statistics arising in its consideration. **Cancer Chemotherapy Rep.**, v.50, p.163-170, 1966.

- MANTEL, N.; HAENSZEL, W. Statistical aspects of the analysis of data from retrospective studies of disease. **J. Nat. Cancer Ins.**, v.22, p.719-748, 1959.
- MERCADANTE, M.E.Z.; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G. et al. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.31, n.4, p.1726-1733, 2002.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MILLS, A.D., FAURE, J.M. Divergent selection for duration of tonic immobility and social reinstatement behavior in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) chicks. **Journal of Comparative Psychology**, v.105, p.25-38, 1991.
- MILLS, A.D., FAURE, J.M. The treadmill test for the measurement of social motivation in Phasianidae chicks. **Medical Science Research**, v.18, p.178-180, 1990.
- MILLS, A.D.; FAURE, J.M. Ease of capture in lines of Japanese quail (*Coturnix japonica*) subjected to contrasting selection for fear or sociability. **Applied Animal Behaviour Science**, v.69, p.125-134, 2000.
- MIRANDA, J.A.; ROCHA, G.M.F.; BALLOTIN, L.M.V.; SILVA, L.C.; PIRES, A.V.; FERREIRA, T.A.; GONÇALVES, F.M.; ABREU, L.R. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte. **Anais... V Simpósio internacional de coturnicultura**, lavras, 2013.
- MUNIZ, J.C.L. Energia metabolizável para codornas de corte. 2013. 64f. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 2013.
- NAKAYAMA, S.; MIYATAKE, T. A Behavioral syndrome in the adzuki bean beetle: genetic correlation among death feigning, activity and mating behavior. **Ethology**, v.116, p.108-112, 2010.
- PAULINO, C.; TURKMAN, M.; MURTEIRA, B. Estatística Bayesiana. Fundação Calouste Gulbenkian, 2003.
- PELHAITREA, A.; MIGNON-GRAUSTEAU, S.; BERTIN, A. Selection for wheat digestibility affects emotionality and feeding behaviours in broiler chicks. **Applied Animal Behaviour Science**, v.139, p.114-122, 2012.
- RADKE, B.R. A demonstration of interval-censored survival analysis. **Preventive Veterinary Medicine**, v.59, p.241-256, 2003.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. Comment: One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Stat. Sci.*, v.7, p.493-497, 1992.
- REITER, K.; KURTRITZ, B. Behaviour and leg weakness in different broiler breeds. **Archiv fur Geflügelkunde** v.65, p.137-141, 2001.

- RICHARD, S.; LAND, N.; SAINT-DIZIER, H.; LETERRIER, C.; FAURE, J.M. Human handling and presentation of a novel object evoke independent dimensions of fear in Japanese quail. **Behavioural Processes**, v.85, p.18-23, 2010.
- ROXTRÖM, A; DUCROCQ, V; STRANDBERG E. Survival analysis of longevity in dairy cattle on a lactation basis. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p.305-318, 2003.
- SAMORÉ, A.B.; SCHNEIDER, M. del P.; CANAVESI, F.; BAGNATO, A.; GROEN, A.F. Relationship between somatic cell count and functional longevity assessed using survival analysis in Italian Holstein–Friesian cows. **Livestock Production Science**, v.80, p.211-220, 2003.
- SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; FELIPE, V.P.S.; WENCESLAU, R.R. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.60, p.1188-1196, 2008.
- SCHÜTZ, K.; KERJE, S.; CARLBORG, Ö.; JACOBSSON, L.; ANDERSSON, L.; JENSEN, P. QTL analysis of a red junglefowl x White Leghorn intercross reveals trade-off in resource allocation between behaviour and production traits. **Behavior Genetics**, v.32, p.423-433, 2002.
- SCHÜTZ, K.; KERJE, S.; JACOBSSON, L.; FORKMAN, B.; CARLBORG, Ö.; AANDERSSON, L.; JENSEN, P. Major Growth QTLs in Fowl Are Related to Fearful Behavior: Possible Genetic Links Between Fear Responses and Production Traits in a Red Junglefowl × White Leghorn Intercross. **Behavior Genetics**, v.34, p.121-130, 2004.
- SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; SILVA, F.G.; BONAFÉ, C.M.; SILVA, F.F.; TORRES, R.A. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v.153, p.27-32, 2013.
- SMITH, S.P.; QUAAS, R.L. Productive lifespan of bulls progeny groups: failure time analysis. **Journal Dairy Science**, v.67, p.2999-3007, 1984.
- STEVENSON, M. An **Introduction to Survival Analysis**. EpiCentre, IVABS, Massey University. June 4, 2009.
- TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, L.P.; TORRES, R.A.; SILVA, F.G.; LEHNER, H.G.; CAETANO, G.C. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural, Santa Maria**, v.43, n.2, p.361-365, 2013.
- TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, L.P.; TORRES, R.A.; LEHNER, H.G.; CAETANO, G.C.; CRISPIM, A.C. Modelos de regressão aleatória para avaliação da curva de crescimento em matrizes de codorna de corte. **Ciência Rural**, v.42, n.9, p.1641-1647, 2012.
- VÄISÄNEN, J.; LINDQVIST, C.; JENSEN, P. Co-segregation of behaviour and production related traits in an F3 intercross between red junglefowl and White Leghorn laying hens. **Livestock Production Science**, v.94, p.149-158, 2005.

- VALANCE, D.; DESPRÈS, G.; BOISSY, A.; MIGNON-GRASTEAU, S.; CONSTANTIN, P.; LETERRIER C. Genetic selection on a behavioural fear trait is associated with changes in heart rate variability in quail. **Genes, Brain and Behavior**, v.6 p.339-346, 2007.
- VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.S.; DIONELLO, N.L.; SILVA, M.A.; FONTES, D.O.; TORRES, R.A.; CORRÊA, A.B.; VENTURA, R.V.; SILVA, J.V.; SANTOS, G.G.; NETO, H.L. **Interaction between methionine of diet and genotype in meat type quail**. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006.
- VAN VLECK, L.D. Genotype and environment in sire evolution. **Journal of Dairy Science**, v.46, n.9, p.983-987, 1963.
- VARKOOHI, S.; MORADI SHAHR BABAK, M.; PAKDEL, A.; NEJATI JAVAREMI, A.; ZAGHARI, M.; KAUSE, A. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. **Poultry Science**, v.89, p.1590-1598, 2010.
- VARKOOHI, S.; PAKDEL, A.; MORADI SHAHR BABAK, M.; NEJATI JAVAREMI, A.; KAUSE, A.; ZAGHARI, M. Genetic parameters for feed utilization traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.90, p.42-47, 2011.
- VELOSO, R.C.; PIRES, A.V.; TIMPANI, V.D.; DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.G.; FILHO, D.E.F. Níveis de proteína bruta e energia metabolizável em uma linhagem de codorna de corte. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.34, n.2, p.169-174, 2012.
- VENCOVSKY, R. e PACKER, I.U. Interação genótipo ambiente no melhoramento de bovinos de corte leiteiro. In: Simpósio sobre melhoramento genético de bovinos. **Anais...** Jaboticabal. UNESP, p.91-103, 1976.
- VESTERGAARD, K.S.; SANOTRA, G.S. Relationships between leg disorders and changes in the behavior of broiler chickens. **Veterinary Record** v.144, p.205–209, 1999.
- WIREN, A.; JENSEN, P. A growth QTL on chicken chromosome 1 affects motionality and sociality. **Behaviour Genetics**, v.41, p.303-311, 2011.

CHAPTER 1:

BAYESIAN ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR INDIVIDUAL FEED CONVERSION AND BODY WEIGHT GAIN IN MEAT QUAIL

ABSTRACT

CAETANO, Giovanni da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2018. **Bayesian estimation of genetic parameters for individual feed conversion and body weight gain in meat quail.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

We estimated genetic correlations between partial and total body weight gain (BWG) and individual feed conversion (FC) aiming to identify possible partial traits as selection criteria in meat quail breeding programs. Data included 379 records from two different genetic lines (188 quails from UFV1 and 191 from UFV2). The following traits were evaluated: individual feed conversion from 21 to 28 (FC₂₁₋₂₈) and from 28 to 35 days of age (FC₂₈₋₃₅); body weight gain from 1 to 21 (BWG₁₋₂₁), 21-28 (BWG₂₁₋₂₈), 28-35 (BWG₂₈₋₃₅) and from 1 to 35 (BWG₁₋₃₅, full period) days of age. Genetic parameters (heritabilities and genetic correlations) were estimated through multi-trait models via Bayesian inference. For UFV1 line, genetic correlations estimates (with respective credible intervals) between BWG₁₋₂₁ and BWG₁₋₃₅, BWG₂₁₋₂₈ and BWG₁₋₃₅, BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅, FC₂₁₋₂₈ and FC₂₈₋₃₅, FC₂₁₋₂₈ and BWG₁₋₃₅, and FC₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ were 0.62 (0.15 to 0.90), 0.81 (0.60 to 0.94), 0.69 (0.35 to 0.88), 0.06 (-0.50 to 0.60), -0.87 (-0.97 to -0.63) and -0.51 (-0.84 to -0.01), respectively; and for UFV2 line, these estimates were 0.33 (-0.05 to 0.63), 0.79 (0.59 to 0.92), 0.88 (0.73 to 0.96), 0.35 (-0.30 to 0.78), -0.56 (-0.85 to -0.09) and -0.76 (-0.93 to -0.41), respectively. Additionally, for the UFV1 line heritability estimates for BWG₂₁₋₂₈ and FC₂₁₋₂₈ were 0.69 (0.40 to 0.86) and 0.55 (0.31 to 0.74), respectively; while for UFV2 line the heritabilities for BWG₂₈₋₃₅ and FC₂₈₋₃₅ were 0.68 (0.47 to 0.83) and 0.37 (0.17 to 0.63). Based on these results, we recommend as target traits BWG₂₁₋₂₈ and FC₂₁₋₂₈ for UFV1 line; and BWG₂₈₋₃₅ for UFV2 line. Selecting for these indicated traits, we expect to reduce breeding program costs related mainly to feeding of non-selected animals and labor with phenotyping.

Key-words: *Coturnix coturnix*, Genetic correlation, Partial traits.

RESUMO

CAETANO, Giovani da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2018. **Estimação bayesiana de parâmetros genéticos para conversão alimentar individual e ganho de peso corporal em codornas de corte.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Estimamos correlações genéticas entre ganho de peso corporal parcial e total (BWG) e conversão alimentar individual (FC) com o objetivo de identificar possíveis características parciais como critério de seleção em programas de melhoramento de codornas de corte. Os dados incluíram 379 registros de duas linhas genéticas diferentes (188 codornas do UFV1 e 191 do UFV2). As seguintes características foram avaliadas: conversão alimentar individual de 21 a 28 (FC_{21-28}) e de 28 a 35 dias de idade (FC_{28-35}); ganho de peso corporal de 1 a 21 (BWG_{1-21}), 21–28 (BWG_{21-28}), 28–35 (BWG_{28-35}) e de 1 a 35 (BWG_{1-35} , período completo) dias de idade. Parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) foram estimados por meio de modelos multicaracterísticos via inferência bayesiana. Para a linha UFV1, as correlações genéticas estimadas (com respectivos intervalos de credibilidade) entre BWG_{1-21} e BWG_{1-35} , BWG_{21-28} e BWG_{1-35} , BWG_{28-35} e BWG_{1-35} , FC_{21-28} e FC_{28-35} , FC_{21-28} e BWG_{1-35} , e entre FC_{28-35} e BWG_{1-35} foram de 0.62 (0.15 a 0.90), 0.81 (0.60 a 0.94), 0.69 (0.35 a 0.88), 0.06 (–0.50 a 0.60), –0.87 (–0.97 a –0.63) e –0.51 (–0.84 a –0.01), respectivamente; e para a linha UFV2, essas estimativas foram de 0.33 (–0.05 a 0.63), 0.79 (0.59 a 0.92), 0.88 (0.73 a 0.96), 0.35 (–0.30 a 0.78), –0.56 (–0.85 a –0.09) e –0.76 (–0.93 a –0.41), respectivamente. Além disso, as estimativas de herdabilidade para a linhagem UFV1 para BWG_{21-28} e FC_{21-28} foram 0.69 (0.40 a 0.86) e 0.55 (0.31 a 0.74), respectivamente; enquanto que para a linhagem UFV2, as herdabilidades para BWG_{28-35} e FC_{28-35} foram 0.68 (0.47 a 0.83) e 0.37 (0.17 a 0.63). Com base nesses resultados, recomenda-se como critérios de seleção as características BWG_{21-28} e FC_{21-28} para a linha UFV1; e BWG_{28-35} para a linha UFV2. Ao selecionar para estas características, espera-se reduzir os custos do programa de melhoramento relacionados principalmente à alimentação de animais não selecionados e mão-de-obra com fenotipagem.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*, Correlação Genética, períodos parciais.

1. INTRODUCTION

In Brazil, the number of quails in the last few years have almost doubled (Silva et al., 2013), so that the meat production became an important activity to achieve a different range of the consumer market. Thus, breeding programs aiming to improve growth traits were proposed to ensure the future of this activity (Silva et al., 2013).

In general, the selection for meat quails have been based on body weight (BW) at specific ages (Barbieri et al., 2015) or body weight gain (BWG) between these ages (Aggrey et al., 2003). In general, the BWG has been of fundamental importance to reduce the slaughter age in quails (Case et al., 2012; Aggrey et al., 2003). Since the main part of the total production cost in meat quail is represented by feed costs, the inclusion of feed efficiency related traits in genetic breeding programs is justified. According to Case et al. (2012), improving feed conversion (FC) by identifying animals that require the same amount of feed but have higher body weight gain (BWG) is valuable in the modern poultry breeding.

The majority of the studies involving genetic parameter estimates for FC and BWG were performed for Japanese quails based on group of animals (Varkoohi et al., 2010, 2011). Foomani et al. (2014) estimated genetic parameters for these traits using individual measures of Japanese quails; however results about these estimates for meat quails have not been yet reported. Furthermore, since FC and BWG are commonly measured later in the animals, if the genetic correlations between partial and final traits are high, partial traits can be used as selection criteria aiming to reduce breeding program costs (feeding of non-selected animals and labor cost with phenotyping).

Bayesian inference has been successfully applied to genetic parameter estimation in animal breeding. According to Sorensen and Gianola (2002), one important advantage of Bayesian inference is to obtain credible intervals for genetic parameters. It allows making inferences about the significance of genetic correlations in studies proposing new traits as selection criteria. In addition, the Bayesian analysis allows to calculate the posterior marginal density of the parameter of interest and with such distribution, the error of an unknown parameter is quantified exactly, presenting greater accuracy of the estimated parameters.

In this context, we aimed to estimate genetic parameters for partial and total BWG and individual FC through multi-trait models via Bayesian inference in order to verify the possibility of using partial traits as selection criteria in breeding programs for meat quails.

2. MATERIAL AND METHODS

2.1. Population structure and animal management

All animal procedures were approved by the Animal Care and Use Committee of the Department of Animal Science from Universidade Federal de Viçosa (UFV), Brazil (73/2014-CEUAP).

Data used in this study were from an experiment carried out in 2014 and supported by the Breeding Program for Meat Quails of UFV. Individual observations of body weight gain and feed conversion from 188 (line UFV1) and 191 (line UFV2) animals were used. A total of 102 sires and 204 dams were mated under two females per each male rate. Eggs were collected during 10 days in each phase, incubated for 14 days and allocated in a hatcher for 3 days up to hatch. On hatching day, progenies received identification for pedigree information, and the body weight at birth was measured.

The birds were randomized and distributed in 24 screen pens (1.0 m×0.8 m), in average of 20 and 10 animals from UFV1 and UFV2 lines, respectively. The pens had wood shavings provided as litter substrate with ad libitum access to food and water. During first 14 days a dish-type feeders and pressure cup drinker were used and were changed by tubular feeders and automatic nipple drinkers during the remaining period. Diet was formulated according to NRC (1994) nutritional recommendations. The temperature in each pen was maintained using infrared lamps until birds reached 15 days of age.

Each box received, in average, 20 and 10 animals from UFV1 and UFV2 lines, respectively. Animals were randomized allocated on each box and individually weighted at 1, 7, 14, 21, 28 and 35 days of age. These weight records were used for body weight gain calculation across the evaluated periods. At 21 days of age the animals were weighed and sexed; after was performed a random collect of 204 animals/line and they were moved to individual galvanized cages for feed intake control aiming to achieve more accurate measures (when compared with the measures in groups) of feed conversion. The number of animals collected is due to the limited number of individual cages available for each line. Cages had 0.15 m for sideboard egg and six divisions per cage in total and were equipped with galvanized sheet linear feeders, with subdivisions for each individual cage, and linear drinker, supplied with running water. Feed intake (FI) was recorded weekly, and feed conversions (FC) of each animal were calculated by the ratio between FI and BWG. However, feed conversion from the first phase (up to 21 days) were not used since it was a

group measure and could lead to biased estimates of genetic parameters. Thus, only individual feed conversion data collected from 21 days were used.

The final dataset for each line was composed of animal identification, sire, dam, hatching number, sex, body weight gain in partial periods: 1–21 days (BWG_{1-21}), 21–28 days (BWG_{21-28}) and 28–35 days (BWG_{28-35}), body weight gain on full period: 1–35 days (BWG_{1-35}) and individuals feed conversion on partial periods: 21–28 days (FC_{21-28}) and 28–35 days (FC_{28-35}). Records with no sex and/or measures lower or higher than three standard deviations were removed. The final dataset presented 188 and 191 animals from UFV1 and UFV2 lines, respectively.

2.2. Statistical analysis

Two different analyses for each line (UFV1 and UFV2) were carried out according to the set of considered traits using multi-trait models. The first one involved only BWG traits (BWG_{1-21} , BWG_{21-28} , BWG_{28-35} and BWG_{1-35}), which aimed to quantify the genetic correlation between the partial measures of the BWG with the final trait (BWG_{1-35}). The second one involved the FC traits (FC_{21-28} and FC_{28-35}) and BWG_{1-35} , which aimed to estimate the genetic correlation between an early and a late FC trait, as well as their correlations with the final BWG trait.

For both analyzes, the following multi-trait Bayesian model was fitted:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e},$$

where:

\mathbf{y} is the vector of phenotypic observations, assumed as $\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{G}_0, \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$; $\boldsymbol{\beta}$ is the vector of systematic effects (sex and hatching), assumed as $\boldsymbol{\beta} \sim N(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma}_\beta \otimes \mathbf{I})$, being $\boldsymbol{\Sigma}_\beta$ a known diagonal matrix with values $1e+10$ (large variances) to represent vague prior knowledge; \mathbf{a} is the vector of random additive genetic effects, assumed as: $\mathbf{a} | \mathbf{G}_0, \mathbf{A} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$, being \mathbf{A} the additive relationship matrix among the animals and \mathbf{G}_0 the additive genetic (co)variance matrix. Furthermore, it was assumed that \mathbf{G}_0 follows an inverted Wishart distribution, $WI(v_a, \mathbf{V}_a)$, with hyperparameters $v_a=2$ and \mathbf{V}_a ; \mathbf{X} and \mathbf{Z} are the incidence matrices of systematic and random additive genetic effects, respectively; \mathbf{e} is the vector of random errors, assumed as $\mathbf{e} | \mathbf{R}_0 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$, where \mathbf{I} and \mathbf{R}_0 are, respectively, an identity and residual covariance matrices. Similarly as assumed for \mathbf{G}_0 , $\mathbf{R}_0 \sim WI(v_e, \mathbf{V}_e)$, with hyperparameters $v_e = 2$ and \mathbf{V}_e . The matrices \mathbf{V}_a and \mathbf{V}_e represent a

pool (approximated average values) obtained empirically from literature (Varkoohi et al., 2011, Case et al., 2012, Aggrey et al., 2003). The degrees of freedom, $va=ve=2$, were chosen to provide non-informative priors, since the “previous knowledge” about the parameters to be estimated can be considered “weak” given the small number of studies for the considered traits. The covariance matrices (\mathbf{G}_0 and \mathbf{R}_0) assumed the dimensions 4x4 and 3x3, respectively to the first (involving BWG₁₋₂₁, BWG₂₁₋₂₈, BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ traits) and second (involving FC₂₁₋₂₈, FC₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ traits) multi-trait analyses.

The (co)variance components and genetic parameters were estimated through Gibbs sampler algorithm by using the GIBBSF90 software (Misztal et al., 2002). The posterior marginal distribution samples for heritability of a trait i (h_i^2) and genetic correlations between traits i and j (r_{ij}) were obtained from the (co)variance components samples generated in each Gibbs sampler iteration (k) as follow: $h_i^{2(k)} = \sigma_{a_i}^{2(k)} / (\sigma_{a_i}^{2(k)} + \sigma_{e_i}^{2(k)})$ and $r_{ij}^{(k)} = \sigma_{a_{ij}}^{(k)} / \sqrt{(\sigma_{a_i}^{2(k)} \sigma_{a_j}^{2(k)})}$. The genetic variances ($\sigma_{a_i}^2$) and covariances ($\sigma_{a_{ij}}$) were obtained from \mathbf{G}_0 , and the residual variance ($\sigma_{e_i}^2$) from \mathbf{R}_0 . A total of 500,000 samples were generated, assuming a burn-in period of 50,000 iterations. The convergence was assessed by Geweke test using POSTGIBBSF90 software (Misztal et al., 2002).

3. RESULTS

Descriptive statistics for all traits in each one of these lines are shown in Table 1.

Estimates of additive genetic and residual (co)variances, heritabilities and genetic correlations for BWG traits are shown in Table 2. For the line UFV1, heritability estimates for BWG₁₋₂₁, BWG₂₁₋₂₈, BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ were 0.17, 0.69, 0.24 and 0.56, respectively. Except for BWG₂₁₋₂₈ ($h^2=0.49$), the line UFV2 showed higher heritability estimates (0.24, 0.68 and 0.73, respectively for BWG₁₋₂₁, BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅). The largest genetic correlation estimate for the line UFV1 was between BWG₂₁₋₂₈ and BWG₁₋₃₅ (0.81); while for the line UFV2, was between BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ (0.88). For the line UFV1, the genetic correlations between BWG₁₋₂₁ and BWG₁₋₃₅; and between BWG₂₈₋₃₅ and BWG₁₋₃₅ were 0.62 and 0.69, respectively. For the line UFV2, these estimates were 0.33 and 0.88, respectively.

Table 1. Number of observations (N), Mean, Standard Deviation (SD), minimum (Min), maximum (Max), and Coefficient of Variation (CV%) for body weight gain (BWG, in grams) calculated from 1 to 21, 21–28, 28–35, and 1–35 days of age; and for feed conversion (FC) calculated from 21 to 28, and 28–35 days of age for two meat quail lines (UFV1 and UFV2).

Line UFV1						
Trait	N	Mean	SD	Min	Max	CV
BWG ₁₋₂₁	188	189.44	15.99	102.22	239.06	8.44
BWG ₂₁₋₂₈	188	67.00	12.87	29.21	102.19	19.21
BWG ₂₈₋₃₅	188	57.52	15.58	19.49	108.70	27.09
BWG ₁₋₃₅	188	314.63	26.49	245.55	400.01	8.42
FC ₂₁₋₂₈	188	3.33	0.66	1.12	6.57	19.83
FC ₂₈₋₃₅	188	5.02	1.57	1.05	12.83	31.31
Line UFV2						
BWG ₁₋₂₁	191	143.72	33.79	87.36	207.14	23.51
BWG ₂₁₋₂₈	191	64.67	13.13	21.79	99.85	20.30
BWG ₂₈₋₃₅	191	50.80	13.36	19.04	93.66	26.29
BWG ₁₋₃₅	191	302.86	25.65	210.55	368.27	8.47
FC ₂₁₋₂₈	191	3.47	0.78	1.56	7.92	22.60
FC ₂₈₋₃₅	191	5.36	1.47	1.52	13.59	27.38

Table 3 contains the estimates of additive genetic and residual genetic (co)variances, heritabilities and genetic correlations for individual feed conversion traits (FC₂₁₋₂₈ and FC₂₈₋₃₅) and BWG₁₋₃₅. Heritability estimates for FC₂₁₋₂₈ and FC₂₈₋₃₅ were 0.55 and 0.20 for the line UFV1; and 0.30 and 0.37 for the line UFV2, respectively. Genetic correlation estimates between BWG₁₋₃₅ and FC₂₁₋₂₈ were negative high, -0.87 and -0.56, for the lines UFV1 and UFV2, respectively. However, when considering FC₂₈₋₃₅, these estimates were -0.51 and -0.76 for UFV1 and UFV2, respectively. On the other hand, we found low (0.06) and moderate (0.35) genetic correlation estimates between FC₂₁₋₂₈ and FC₂₈₋₃₅ for UFV1 and UFV2 lines, respectively.

Table 2. Heritability (h^2) and genetic correlation (r) estimates (posterior mean), and 95% credible interval limits (lower, L; upper, U) for body weight gain (BWG, in grams) calculated from 1 to 21, 21–28, 28–35, and 1–35 days of age in two lines (UFV1 and UFV2) of meat quails.

Line UFV1							
Parameter	Mean	L	U	Parameter	Mean	L	U
$h^2_{\text{BWG}_{1-21}}$	0.17	0.06	0.35	$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{28-35}}$	0.07	-0.55	0.66
$h^2_{\text{BWG}_{21-28}}$	0.69	0.40	0.86	$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.62	0.15	0.90
$h^2_{\text{BWG}_{28-35}}$	0.24	0.08	0.46	$r_{\text{BWG}_{21-28}, \text{BWG}_{28-35}}$	0.22	-0.24	0.67
$h^2_{\text{BWG}_{1-35}}$	0.56	0.32	0.75	$r_{\text{BWG}_{21-28}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.81	0.60	0.94
$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{21-28}}$	0.60	0.15	0.88	$r_{\text{BWG}_{28-35}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.69	0.35	0.88

Line UFV2							
$h^2_{\text{BWG}_{1-21}}$	0.24	0.09	0.45	$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{28-35}}$	0.21	-0.20	0.56
$h^2_{\text{BWG}_{21-28}}$	0.49	0.30	0.66	$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.33	-0.05	0.63
$h^2_{\text{BWG}_{28-35}}$	0.68	0.47	0.83	$r_{\text{BWG}_{21-28}, \text{BWG}_{28-35}}$	0.68	0.37	0.89
$h^2_{\text{BWG}_{1-35}}$	0.73	0.51	0.87	$r_{\text{BWG}_{21-28}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.79	0.59	0.92
$r_{\text{BWG}_{1-21}, \text{BWG}_{21-28}}$	0.27	0.16	0.36	$r_{\text{BWG}_{28-35}, \text{BWG}_{1-35}}$	0.88	0.73	0.96

Table 3. Heritability (h^2) and genetic correlation (r) estimates (posterior mean), and 95% credible interval limits (lower, L; upper, U) for feed conversion (FC) calculated from 21 to 28, and 28–35 days of age, and for body weight gain (BWG, in grams) from 1 to 35 days of age in two lines (UFV1 and UFV2) of meat quails.

Line UFV1							
Parameter	Mean	L	U	Parameter	Mean	L	U
$h^2_{\text{FC}_{21-28}}$	0.55	0.31	0.74	$r_{\text{FC}_{21-28}, \text{FC}_{28-35}}$	0.06	-0.50	0.60
$h^2_{\text{FC}_{28-35}}$	0.20	0.06	0.50	$r_{\text{FC}_{21-28}, \text{BWG}_{1-35}}$	-0.87	-0.97	-0.63
$h^2_{\text{BWG}_{1-35}}$	0.57	0.34	0.76	$r_{\text{FC}_{28-35}, \text{BWG}_{1-35}}$	-0.51	-0.84	-0.01

Line UFV2							
$h^2_{\text{FC}_{21-28}}$	0.30	0.11	0.61	$r_{\text{FC}_{21-28}, \text{FC}_{28-35}}$	0.35	-0.30	0.78
$h^2_{\text{FC}_{28-35}}$	0.37	0.17	0.63	$r_{\text{FC}_{21-28}, \text{BWG}_{1-35}}$	-0.56	-0.85	-0.09
$h^2_{\text{BWG}_{1-35}}$	0.69	0.42	0.87	$r_{\text{FC}_{28-35}, \text{BWG}_{1-35}}$	-0.76	-0.93	-0.41

4. DISCUSSION

Some values for descriptive statistics (Table 1) and correlation and heritability estimates (Table 2) are very different between lines. These results were expected, since the two lines (UFV1 and UFV2) have different origins and are at different stages of selection in the program. Consequently, these factors can explain the variation in heritability estimates found between periods and between the evaluated lines (Table 2).

Heritability estimates for BWG in partial periods varied from medium to high (Table 2) in both lines, highlighting the potential of these traits for breeding programs of meat quails. In general, these estimates were higher than previous estimates reported for Japanese quails (Varkoohi et al., 2011); however, there are no references about these estimates in meat quails. With respect to the drop in the heritability of BWG_{28-35} in UFV1 line, and low genetic correlation between BWG in two consecutive weeks (21–28, and 28–35 days), we can infer this is a critical period in which the animals are in the reproductive system development phase. It may have influence on body weight, especially in females, which leads to a greater variation in BWG at this stage. Additionally, in this phase the animals were transferred from the floor to individual cages at 21 days, and some animals adapted easily than others, indirectly affecting the body weight gain.

Using the partial trait BWG_{21-28} as selection criterion for the line UFV1 would enable a reduction in the selection periods, thus leading to a reduction in the breeding program costs related to feed and management of the animals. This reduction is not directly observed for the line UFV2, due to the highest correlation between BWG_{1-35} and BWG_{28-35} . However, choosing BWG_{21-28} and BWG_{28-35} would reduce mortality and injuries due to the handling (weight collection) of the one-day-old animals to calculate BWG_{1-35} .

As observed for BWG, the heritability estimates for FC traits also varied from medium to high in both lines, suggesting their importance for breeding programs. These estimates are in agreement with those reported by Foomani et al. (2014) in Japanese quails, whereas they are higher than those presented by Varkoohi et al. (2011).

Although genetic correlation estimates between FC_{21-28} and FC_{28-35} were positive for both lines (0.06 and 0.35, respectively for UFV1 and UFV2), they were not significant (95% credible intervals containing zero). Thus, indirect genetic gains are not expected for these traits. However, regarding BWG_{1-35} , high negative correlations allow to make

inference about indirect genetic gains mainly for FC_{21–28} in the line UFV1, and FC_{28–35} in the line UFV2. Additionally, for the line UFV1 it is possible to reduce breeding program costs by selecting the best animals for FC in earlier ages (feeding of non-selected animals).

In general, the large range of credible intervals might be because of low number of phenotyped animals, 188 and 191 from UFV1 and UFV2, respectively. It is due to the limited number of individual cages available for each line additionally to the expensive logistic of individual data collection. Anyway, the Bayesian inference enables to obtain significant results, since it has been recommended for situations with small data sets and complex models (Sorensen and Gianola, 2002), such as the multi-trait mixed models used in the present study.

5. REFERENCES

- AGGREY, S.E.; ANKRA-BADU, G.A.; MARKS, H.L. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. **Poultry Science**, v.82, p.538–542, 2003.
- BARBIERI, A.; ONO, R.K.; CURSINO, L.L.; FARAH, M.M.; PIRES, M.P.; BERTIPAGLIA, T.S.; PIRES, A.V.; CAVANI, L.; CARREÑO, O.D.; FONSECA, R. Genetic parameters for body weight in meat quail. **Poultry Science**, v.94, p.169–171, 2015.
- CASE, L.; WOOD, B.; MILLER, S. The genetic parameters of feed efficiency and its component traits in the turkey (*Meleagris gallopavo*). **Genetics Selection Evolution**, v.44, p.1-4, 2012.
- FOOMANI, N.N.; ZEREHDARAN, S.; AZARI, M.A.; LOTFI, E. Genetic parameters for feed efficiency and body weight traits in Japanese quail. **British Poultry Science**, v.55, p.298–304, 2014.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier. Proceedings WCGALP, 28:07, 2002.
- National Research Council, 1994. Nutrient Requirements of Poultry, 9th rev. Natl. Acad. Press, Washington, DC.
- SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; SILVA, F.G.; BONAFE, C.M.; SILVA, F.F.; TORRES, R.A. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v.153, p.27–32, 2013.
- SORENSEN, D.A.; GIANOLA, D. Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics: Statistics for Biology and Health. Springer-Verlag, New York. 2002.

VARKOOHI, S.; MORADI SHAHR BABAK, M.; PAKDEL, A.; NEJATI JAVAREMI, A.; ZAGHARI, M.; KAUSE, A. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. **Poultry Science**, v.89, p.1590-1598, 2010.

VARKOOHI, S.; PAKDEL, A.; MORADI SHAHR BABAK, M.; NEJATI JAVAREMI, A.; KAUSE, A.; ZAGHARI, M. Genetic parameters for feed utilization traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.90, p.42-47, 2011.

CHAPTER 2:

GENOTYPE AND PROTEIN LEVEL INTERACTION IN GROWTH TRAITS OF MEAT-TYPE QUAIL THROUGH REACTION NORM MODELS

ABSTRACT

CAETANO, Giovanni da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2018. **Genotype and protein level interaction in growth traits of meat-type quail through reaction norm models.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

One possible strategy to optimize breeding programmes in terms of feed costs is selecting animals based on their genetic performance over protein levels (PL). A genotype and environment (G×E) interaction in which the gradual environmental changes are represented by the respective PL is such a strategy. Reaction norm models (RNM) are suitable to perform these analyses, since they enable to evaluate genetic differences among animals as well as variance components and heritability estimates over PL. The aim of the study was to investigate the G and PL interaction in two meat-type quail lines (UFV1 and UFV2) for their body weight at day 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) of age by using RNM. Diets were formulated according to NRC requirements (1994) and composed to have different PL (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 and 29%) and fixed metabolizable energy (2900 kcal). The NRC assumes 24% as the optimal PL for quail. So, the constant amino acids:lysine ratio for animal performance was maintained. The data set contained 970 and 410 quails from UFV1 and UFV2 lines, respectively. Several RNM (with different Legendre polynomial orders and residual variance classes) were compared via Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria. The RNM outperformed (lower AIC and BIC values) the traditional model disregarding G×E and suggested G×PL interaction for BW₂₈ and BW₃₅. The observed moderate-to-high heritabilities increased over PL, thus suggesting the existence of G×PL for growth traits in meat-type quail.

Key-words: *Coturnix coturnix coturnix*, heritability, random regression.

RESUMO

CAETANO, Giovani da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro, 2018. **Interação genótipos-níveis protéicos em características de crescimento de codornas de corte por meio de modelos de norma de reação.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Uma estratégia possível para otimizar os programas de melhoramento em termos de custo de alimentação é selecionar animais com base em seu desempenho genético sobre os níveis de proteína (PL). Uma interação de genótipo e ambiente ($G \times E$) na qual as mudanças ambientais graduais são representadas pelo respectivo PL é uma dessas estratégias. Modelos de normas de reação (RNM) são adequados para realizar essas análises, pois permitem avaliar as diferenças genéticas entre os animais, bem como os componentes de variância e estimativas de herdabilidade sobre PL. O objetivo do estudo foi investigar a interação G e PL em duas linhagens de codornas de corte (UFV1 e UFV2) quanto ao peso corporal aos 28 dias (BW_{28}) e 35 (BW_{35}) de idade, utilizando o RNM. As dietas foram formuladas de acordo com as exigências do NRC (1994) e compostas por diferentes PL (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 e 29%) e energia metabolizável fixa (2900 kcal). O NRC assume 24% como o melhor PL para codornas, mantendo constante a relação aminoácidos: lisina para desempenho animal. O conjunto de dados continha 970 e 410 codornas das linhagens UFV1 e UFV2, respectivamente. Vários RNM (com diferentes ordens polinomiais de Legendre e classes de variância residual) foram comparados por meio dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Schwarz Bayesian (BIC). O RNM superou (valores mais baixos de AIC e BIC) o modelo tradicional desconsiderando $G \times E$ e sugeriu interação $G \times PL$ para BW_{28} e BW_{35} . As herdabilidades de moderada a alta magnitude observadas aumentaram em relação ao PL, sugerindo a existência de $G \times PL$ para características de crescimento em codornas de corte.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix coturnix*, herdabilidade, regressão aleatória.

1. INTRODUCTION

The term meat-type quail (*Coturnix coturnix coturnix*) is often used to differentiate from the term Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) describing species widely used for egg production (Silva et al., 2013). Regardless the quail production approach (meat or egg), these quails are an economic animal model for breeding research (Alkan et al., 2010) due to the small body size (a large number of birds can be kept in a limited space) and short generation interval.

In poultry breeding, understanding the genetics of traits that are affected by environmental change is important, as this will allow to assess the adaptive potential of these traits (Gienapp et al., 2017). The main part (about 70%) of total cost in livestock production is feed (Caetano et al., 2017), with the protein being the most expensive diet component. One possible strategy to optimize breeding programmes might be selecting animals for their genetic performance over different protein levels (PL) in the diet. This strategy can be performed through the regression of the genetic values in function of PL. This characterizes genotype and environment interaction (G×E), in which gradual environmental changes are represented by the respective PL.

Among methodologies used in this kind of analysis are random regression reaction norm models (RNM) (Kolmodin et al., 2002; Calus and Veerkamp, 2003) which allow to evaluate genetic differences among animals as well as between variance components and heritability on different environmental levels. According to Husby et al. (2015), the heritability in poultry populations is not necessarily constant across environments. Thus, models that are able to accommodate this feature are essentially useful for the modern poultry breeding. The RNM have been generally used to study G×E interaction for disease resistance in other species, such as chicken (Kause et al., 2012), dairy (Calus et al., 2006) and beef (Mota et al., 2016) cattle. However, to our knowledge, studies on trait growth performance under different nutritional levels are still scarce, mainly for meat quail.

The aim of the study was to investigate the G×PL interaction in two meat-type quail lines with two different body weights on day 28 and 35 of age by using RNM. It was hypothesised that low-potential individuals benefit substantially less in favourable conditions than their high-potential counterparts. Thus, the main objective of the present study was to examine whether changing the PL in the diet affect genetic differences between quails.

2. MATERIAL AND METHODS

All animal procedures were approved by the Animal Care and Use Committee of the Animal Science Department from Federal University of Viçosa (Brazil) (No. 73/2014-CEUAP). Data used in this study were from an experiment carried out in 2014 and supported by the UFV Breeding Programme for Meat Quail.

Two lines of quails (UFV1 and UFV2) originated from two different farms in Brazil were used in the study. The quails (970 birds from UFV1 and 410 from UFV2) were selected according to high body weight. The average weight and meat yield indicated that these strains are suitable for meat production (Silva et al., 2013).

Eggs were collected during 10, incubated for 14, and placed in hatcheries for 3 days, in total 17 days before hatch. During this time, birds were identified for pedigree information, then were randomized and allocated to 24 screen pens (1.0 m × 0.8 m) of 20 animals in each (10 animals from UFV1 and 10 from UFV2). The pens were equipped with wood shavings as litter substrate. Animals have *ad libitum* access to feed and water. In the first 14 days, dish-type feeders and pressure cup drinkers were used and starting from day 15 they were replaced by tubular feeders and automatic nipple drinkers. Diets were formulated according to NRC requirements (1994) and composed to have different PL (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 and 29%) and fixed metabolizable energy (2900 kcal). The NRC assumes 24% as the optimal PL for quail. So, the constant amino acids : lysine ratio for animal performance was maintained.

Animals were individually weighted at days 1, 7, 14, 21, 28 and 35 of age. However, only body weights at days 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) were taken into account since they normally constitute the basic selection criteria in breeding programmes.

The RNM were implemented under random regression framework by combining second (linear) and third (quadratic) orders of Legendre polynomials to describe the average and additive genetic curves, respectively. In addition, two assumptions were considered for residual variances: homogeneity and heterogeneity (different number of residual variance classes). A general notation to represent all tested Legendre models is: LEG $\alpha\gamma_\delta$, where α and γ correspond to polynomial order for the average and additive genetic effects, respectively. The δ represents the number of residual variance classes: one (homogeneity, i.e. the same variance for all PL), two (22–25% and 26–29% of PL), three (22–24%, 25–27%, and 28–29% of PL), four (22–23%, 24–25%, 26–27%, and 28–29% of PL) and eight (one variance for each PL).

The following RNM was fitted separately for each line:

$$y_{ijkl} = s_k + h_l + \sum_{m=0}^M \beta_m \phi_{ijm} + \sum_{m=0}^M a_{im} \phi_{ijm} + e_{ijkl} \quad (1)$$

where: y_{ijkl} – phenotypic (BW₂₈ or BW₃₅) record for animal i ($i=1,2,\dots,N$) submitted to the protein level j ($j=1,2,\dots,8$) within sex k (s_k , $k=1,2$) and hatching l (h_l , $l=1,2$); β_m – average regression coefficient of order m ($m=0,1,\dots,M$); a_{im} – random regression coefficient of order m for additive genetic effect of animal i ; ϕ_{ijm} – m^{th} Legendre polynomial for PL j from animal i ; and e_{ijkl} – residual term, $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_{e_n}^2)$, being $n=1,2,\dots,N$ the number of residual variance classes (by assuming heterogeneity of residual variances). Random regression models with Legendre polynomials have been chosen to have better convergence properties as the regressions are orthogonal, being probably the easiest to calculate and utilize, as presented in detail by Schaeffer (2004). However, all 20 models for each characteristic were evaluated to verify the accuracy of the choice of the best model via Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria (Appendix).

In matrix notation, model (1) is described as follows:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad (2)$$

where \mathbf{y} – vector of phenotypic records, assumed as $\mathbf{y}, \mathbf{a}, \mathbf{G}, \sigma_{e_n}^2 \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma_{e_n}^2)$; $\boldsymbol{\beta}$ – vector of fixed effects (average coefficients, sex and hatching); \mathbf{a} – vector of additive genetic coefficients, assumed as $|\mathbf{a}| \mathbf{G}, \mathbf{A} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A})$. Here, \mathbf{A} – relationship matrix among animals and \mathbf{G} – additive genetic variance-covariance matrix between additive genetic coefficients.

The predicted additive genetic effect of animal in PL j (\hat{u}_{ij}), and the genetic variance ($\hat{\sigma}_{u_j}^2$) and heritability (\hat{h}_j^2) estimates for the studied traits in each level j of PL are given, respectively by:

$$\hat{u}_{ij} = \mathbf{K}'_j \hat{\mathbf{a}}_i, \hat{\sigma}_{u_j}^2 = \mathbf{K}'_j \hat{\mathbf{G}} \mathbf{K}_j \text{ and } \hat{h}_j^2 = \hat{\sigma}_{u_j}^2 / (\hat{\sigma}_{u_j}^2 + \sigma_{e_n}^2) \quad (3)$$

where: $\mathbf{K}'_j = [\phi_{ij1} \quad \phi_{ij2} \quad \dots \quad \phi_{ijM}]$

Several RNM, with different Legendre polynomial orders and residual variance classes, were compared via Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria (Appendix). The AIC and BIC information criteria impose penalties according to the number of parameters to be estimated and are defined as follows:

$$AIC = -2\ln L + 2p, e$$

$$BIC = -2\ln L + p\ln(N-r(X)),$$

where $-2\ln L$ is the deviance of the model, p is the number of estimated parameters, N is the number of observations, $r(X)$ is the station of the fixed effect incidence matrix of the model and $\ln L$ is the logarithm of the maximum likelihood function restricted

To infer upon the presence of GxE, the RNM were also compared with the traditional animal model (disregarding GxE). The variance components, genetic parameter and reaction norm estimates were calculated by using the best fit RNM for each trait within each line. All models were fitted through REML (restricted maximum likelihood) via WOMBAT (Meyer, 2007) software. The used codes and data sets are available by contacting authors.

3. RESULTS

For BW₂₈, the average value (in g), standard deviation, minimum and maximum for the UFV1 line were 210.06, 29.67, 81.00 and 315.06, respectively, whereas for UFV2 lines these values were 213.01, 28.52, 78.00, 358.17, respectively. In case of BW₃₅, data on the UFV1 were 248.81, 31.61, 109.01 and 397.68, respectively; for UFV2 – 255.65, 31.17, 104.01 and 396.67, respectively.

The best models (lower AIC and BIC values; Table 1) for BW₂₈ in UFV1 and UFV2 were called, respectively as LEG22_1 and LEG32_2, whereas for BW₃₅, LEG32_1 best fit for both lines. For all traits and lines, the RNM outperformed the traditional animal model. Additionally, the genetic effect over PL was modelled as linear regression, and the heterogeneity of residual variance was noticed only for BW₂₈ in UFV2 line.

The phenotypic, genetic and residual variances were similar for BW₃₅ in both lines and for BW₂₈ in UFV1 (Figure 1). Such finding is connected with an increase of genetic and phenotypic variances over PL, whereas residual variance tends to remain constant. The genetic variance for BW₂₈ in UFV2 line tended to be constant over PL, thus the behaviour of the phenotypic variances followed directly the behaviour of residual variance components (assumed as heterogeneous in this case).

Table 1. Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria for different reaction norm models for body weigh at 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) days old in two meat quail lines (UFV1 and UFV2).

Line	Trait	Model*	AIC	BIC
UFV1	BW ₂₈	Traditional	6630.82	6650.55
		LEG22_1	6625.88	6645.09
		LEG23_1	6629.45	6663.58
		LEG32_1	6626.96	6646.42
		LEG33_1	6630.20	6664.27
		LEG22_2	6627.85	6652.19
		LEG22_3	6626.21	6645.99
		LEG22_4	6625.34	6659.41
	LEG22_8	6631.14	6684.69	
	BW ₃₅	Traditional	7285.14	7314.89
		LEG22_1	7287.67	7307.16
		LEG23_1	7289.59	7323.69
		LEG32_1	7284.18	7303.67
		LEG33_1	7286.12	7320.22
LEG32_2		7285.52	7309.87	
LEG32_3		7286.29	7315.52	
LEG32_4		7287.56	7321.66	
LEG32_8	7291.39	7344.97		
UFV2	BW ₂₈	Traditional	2843.45	2851.46
		LEG22_1	2804.20	2820.21
		LEG23_1	2805.54	2833.57
		LEG32_1	2803.17	2819.17
		LEG33_1	2804.67	2832.68
		LEG32_2	2797.79	2817.79
		LEG32_3	2803.95	2827.96
		LEG32_4	2801.66	2829.87
	LEG32_8	2804.82	2848.83	
	BW ₃₅	Tradicional	3171.53	3179.53
		LEG22_1	3117.37	3133.37
		LEG23_1	3119.61	3147.62
		LEG32_1	3114.40	3130.39
		LEG33_1	3117.18	3145.17
LEG32_2		3115.88	3135.87	
LEG32_3		3118.16	3142.15	
LEG32_4		3117.58	3145.58	
LEG32_8	3117.35	3161.34		

*Traditional: disregarding genotype by protein level interaction; LEG $\alpha\gamma_\delta$: α and γ correspond to polynomial orders for the average and additive genetic effects, respectively. The δ term is the number of residual variance classes.

In UFV1, the heritability estimates for BW₂₈ (0.56–0.63) were higher than for BW₃₅ (0.38–0.58) (Figure 2). Regarding UFV2, due to heterogeneity of residual variance assumed by the best fit model, the heritability estimates for BW₂₈ (0.56–0.57) were higher than for BW₃₅ (0.33–0.50) over from 22 to 25% PL. These results has changed with PL between 23 and 29%, in which the heritability estimates varied from 0.39 to 0.40, and from 0.55 to 0.63 for BW₃₅ and BW₂₈, respectively.

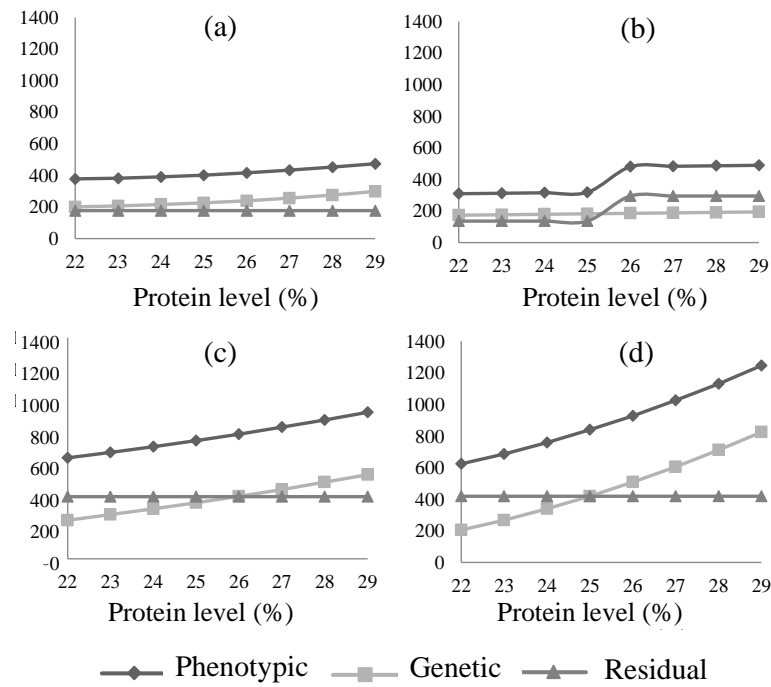


Figure 1. Variance component estimates for body weigh at 28 days in UFV1 (a) and UFV2 (b) lines; and at 35 days in in UFV1 (c) and UFV2 (d) lines.

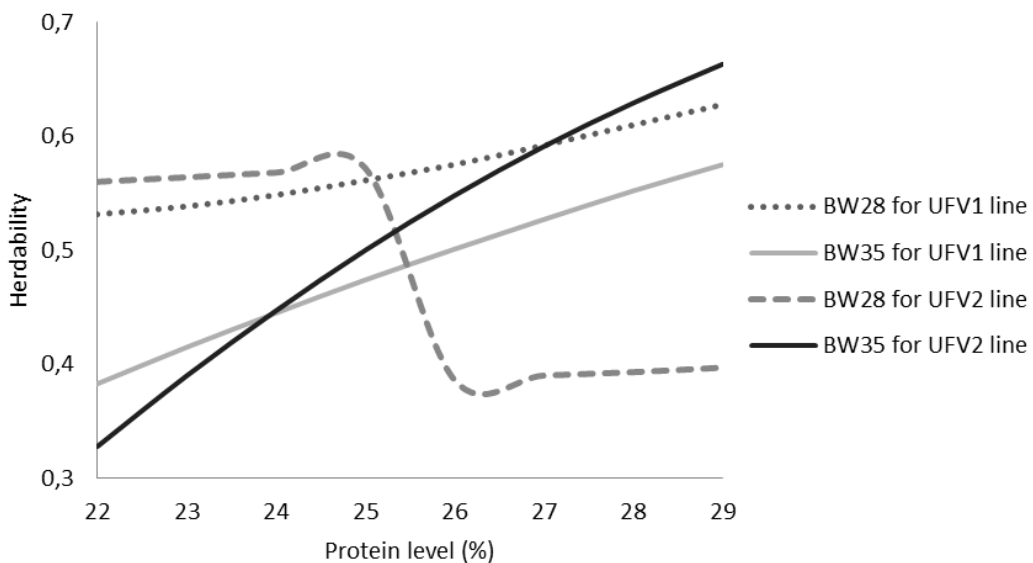


Figure 2. Heritability estimates for body weigh at 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) days in UFV1 and UFV2 lines.

The reaction norms were plotted in Figure 3. A sample of 25 quails were taken from each scenario (traits and lines). For BW₂₈ in UFV2 (Figure 3b), the genetic values tended to be constant over the studied PL. On the other hand, mainly for BW₃₅ in UFV2 (Figure 3d), changes in genetic values according to PL were noticeable; however there are no re-ranking, but only a scaling effect between the best and worse animals in each PL.

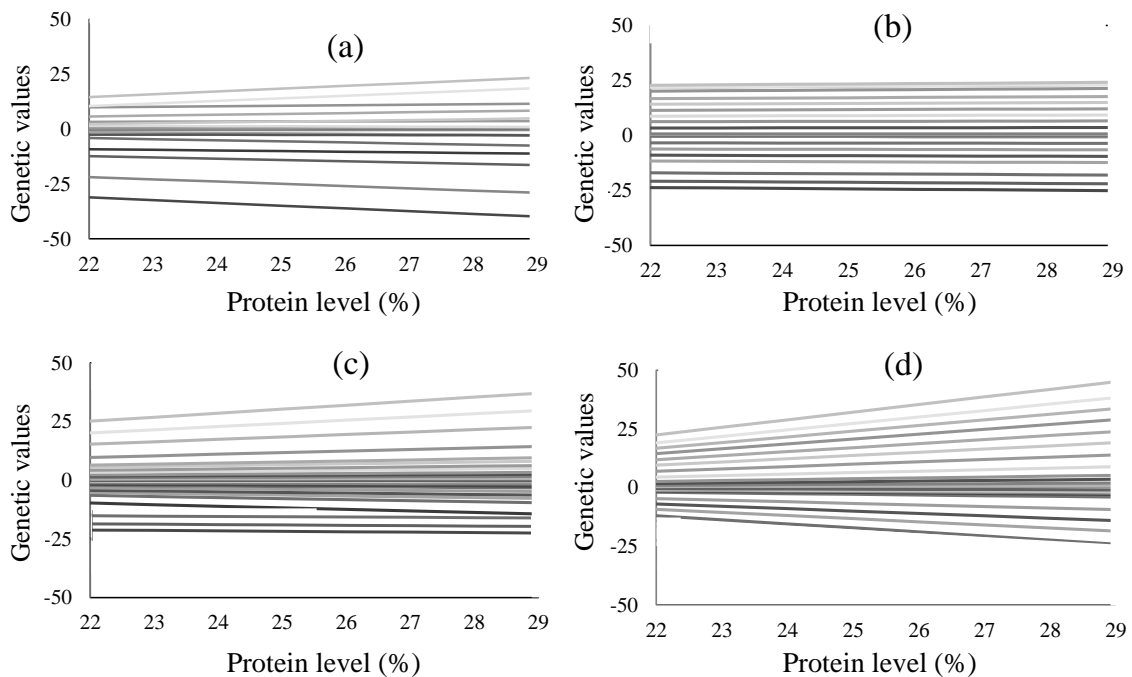


Figure 3. Reaction norms for a sample of 25 animals for body weight at 28 days in UFV1 (a) and UFV2 (b) lines; and at 35 days in UFV1 (c) and UFV2 (d) lines.

4. DISCUSSION

The results obtained in the present study (Table 1) favour RNM over the traditional animal model (disregarding $G \times E$). Also, it can be treated as first example of genotype and PL interaction for the studied traits. Other relevant point is the choice of Legendre polynomial of second order to describe the genetic effects for all traits and also lines. This linear behaviour of genetic values over different PL was indicated. In other random regression models, such applications in animal breeding as lactation and growth curves, higher polynomial order can be used to capture the complexity of curve trajectories (Schaeffer, 2004). However, assuming the PL range as in the present study, it is expected

that genetic values will behave like straight lines over them. Maybe, in the presence of very low and/ or very high PL, high order polynomials would be selected to describe the genetic effects over these levels.

In the most of cases (BW_{28} in UFV1 and BW_{35} in both lines), models assuming homogeneity of variance residual (Table 1) presented better results (lower AIC and BIC values). In lactation and growth curve studies, models approaching heterogeneity of residual variance generally outperformed models assuming constant residual variance (Schaeffer, 2004). This is due to the well-known time effect over these physiological features. However, there are no reports about this heterogeneity in studies related to $G \times E$ focused in nutritional levels as environment gradient.

Regardless the UFV line, the amount of variances accounted for BW_{35} was higher than for BW_{28} for both lines (Figure 1), and this is mainly due to scale effect, since observed values for BW_{35} are naturally higher than BW_{28} . An additional source of body weight variation in advanced ages (e.g., 35 days) is the physiological difference between animals as sexual maturity for female and competitive behaviour for male. The increment of body weight variances over ages has already been reported in meat-type quail by Akbas et al. (2004) and Gonçalves et al. (2012). The increase of the genetic variance over PL suggests the presence of $G \times E$ for BW_{28} in UFV1 line and BW_{35} in both lines. However, for BW_{28} in UFV2 line, this variance was almost constant and over the PL.

The moderate-to-high heritability estimates (Figure 2) for body weights indicated the potential of these traits for breeding programmes. These estimates were partially higher than previous estimates reported in Japanese quail (Varkoohi et al., 2010); and partially similar to the results obtained by Silva et al. (2013) in meat-type quail. However, in the latter, different PL had not been considered for the genetic parameter estimation. In this context, the reports of Husby et al. (2015) approaching that the heritability in poultry populations is not necessarily constant across environments can be partially suggested by the results of the present study. Additionally, all heritability estimates reported in the present study were estimated under a single trait random regression framework. It is believed that more reliable results can be obtained through multi-trait approach, especially by using recursive models as proposed by Beck et al. (2016) in an F2 cross of Japanese quail.

Thus, it is thought that the advantage of BW_{28} would be the selection period reduction, consequently leading to breeding programme reduction costs (feed and management). In general, the heritability estimates increased over the considered PL;

however, this was less evident for BW_{28} in UFV2. This increase is directly related to the increase of the previously mentioned genetic variance, since the residual variance tends to be constant over the PL in the diet (except BW_{28} in UFV2). The environment improvement tends to highlight the genetic potential of animals under selection processes due to favourable conditions associated with genes expression (Falconer and Mackay, 1996). In this context, it is necessary to evaluate if the increase in genetic gain due to higher heritability estimates offset the increase in costs due to high PL.

The reaction norms mainly for BW_{35} suggest that low-potential individuals (low genetic value) benefit substantially less in favourable conditions than their high-potential counterparts. The genetic differences are more pronounced in high PL in the diet due to the increase of the genetic variance.

It should be also emphasised that in the present study only polynomial models were used to describe reaction norms. However, when using very low and very high PL as environmental gradient, some kind of nonlinear behaviour e.g., plateau, can be selected as the best model. So, the non-linear theory presented by Streit et al. (2012) can be adapted to accommodate reaction norms modelling.

5. CONCLUSIONS

The reaction norm models outperformed the traditional model suggesting genotype by protein level (PL) interaction for the studied traits (body weight at day 28 and 35). The observed moderate-to-high heritabilities increased over PL, thus proving the existence of interaction of genotype and PL for these traits in meat-type quail. However, it is necessary to evaluate if the increase in the genetic gain due to the increase in the heritability is offset or not by the increase in costs due to high PL.

6. APPENDIX

Appendix 1. Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria for different reaction norm models for body weigh at 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) days old in meat quail line UFV1.

Line	Trait	Model*	AIC	BIC	
UFV1	BW ₂₈	LEG22_1	6625.88	6645.09	
		LEG22_2	6627.85	6652.19	
		LEG22_3	6626.21	6645.99	
		LEG22_4	6625.34	6659.41	
		LEG22_8	6631.14	6684.69	
		LEG23_1	6629.45	6663.58	
		LEG23_2	6631.47	6670.27	
		LEG23_3	6630.43	6674.05	
		LEG23_4	6629.48	6677.93	
		LEG23_8	6634.34	6702.05	
		LEG32_1	6626.96	6646.42	
		LEG32_2	6628.65	6652.93	
		LEG32_3	6626.72	6655.83	
		LEG32_4	6626.22	6660.17	
		LEG32_8	6632.15	6685.41	
		LEG33_1	6630.20	6664.27	
		LEG33_2	6632.22	6671.01	
		LEG33_3	6631.18	6674.79	
		LEG33_4	6630.27	6678.70	
		LEG33_8	6635.07	6702.76	
		Traditional	6630.82	6650.55	
		BW ₃₅	LEG22_1	7287.67	7307.16
			LEG22_2	7289.35	7313.71
			LEG22_3	7289.89	7319.03
			LEG22_4	7291.03	7325.02
			LEG22_8	7294.75	7348.07
			LEG23_1	7289.59	7323.69
			LEG23_2	7290.75	7329.58
	LEG23_3		7292.96	7336.62	
	LEG23_4		7293.43	7341.92	
	LEG23_8		7296.44	7364.21	
	LEG32_1		7284.18	7303.67	
LEG32_2	7285.52		7309.87		
LEG32_3	7286.29		7315.52		
LEG32_4	7287.56		7321.66		
LEG32_8	7291.39	7344.97			
LEG33_1	7286.12	7320.22			
LEG33_2	7287.55	7326.37			
LEG33_3	7289.43	7333.08			
LEG33_4	7290.19	7338.67			
LEG33_8	7293.34	7361.13			
Traditional	7285.14	7314.89			

*Traditional: disregarding genotype by protein level interaction; LEG $\alpha\gamma_\delta$: α and γ correspond to polynomial orders for the average and additive genetic effects, respectively. The δ term is the number of residual variance classes.

Appendix 2. Akaike (AIC) and Schwarz Bayesian (BIC) information criteria for different reaction norm models for body weigh at 28 (BW₂₈) and 35 (BW₃₅) days old in meat quail line UFV2.

Line	Trait	Model*	AIC	BIC
UFV2	BW ₂₈	LEG22_1	2804.20	2820.21
		LEG22_2	2799.06	2818.93
		LEG22_3	2806.09	2829.91
		LEG22_4	2803.16	2830.91
		LEG22_8	2806.37	2849.75
		LEG23_1	2805.54	2833.57
		LEG23_2	2801.93	2833.61
		LEG23_3	2807.92	2843.51
		LEG23_4	2805.22	2844.70
		LEG23_8	2809.11	2864.10
		LEG32_1	2803.17	2819.17
		LEG32_2	2797.79	2817.79
		LEG32_3	2803.95	2827.96
		LEG32_4	2801.66	2829.87
		LEG32_8	2804.82	2848.83
		LEG33_1	2804.67	2832.68
		LEG33_2	2801.04	2832.70
		LEG33_3	2807.29	2842.85
		LEG33_4	2804.34	2843.80
		LEG33_8	2808.60	2863.56
	Traditional	2843.45	2851.46	
UFV2	BW ₃₅	LEG22_1	3117.37	3133.37
		LEG22_2	3119.11	3138.97
		LEG22_3	3121.39	3145.19
		LEG22_4	3121.40	3149.13
		LEG22_8	3120.85	3164.20
		LEG23_1	3119.61	3147.62
		LEG23_2	3121.39	3153.04
		LEG23_3	3123.18	3158.75
		LEG23_4	3118.95	3158.41
		LEG23_8	3116.95	3171.90
		LEG32_1	3114.40	3130.39
		LEG32_2	3115.88	3135.87
		LEG32_3	3118.16	3142.15
		LEG32_4	3117.58	3145.58
		LEG32_8	3117.35	3161.34
		LEG33_1	3117.18	3145.17
		LEG33_2	3118.85	3150.48
		LEG33_3	3120.75	3156.29
		LEG33_4	3116.80	3156.24
		LEG33_8	3114.82	3169.74
	Tradicional	3171.53	3179.53	

*Traditional: disregarding genotype by protein level interaction; LEG $\alpha\gamma\delta$: α and γ correspond to polynomial orders for the average and additive genetic effects, respectively. The δ term is the number of residual variance classes.

7. REFERENCES

- AKBAS Y.; TAKMA C.; YAYLAK E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. **South African Journal of Animal Science**, v.34, p.104–109, 2004.
- ALKAN S.; KARABAĞ K.; GALIÇ A.; KARSLI T.; BALCIOĞLU M.S. Determination of body weight and some carcass traits in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*) of different lines. **Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi**, v.16, p.277–280, 2010.
- BECK P.; PIEPHO H.-P.; RODEHUTSCORD M.; BENNEWITZ J. Inferring relationships between phosphorus utilization, feed per gain, and body weight gain in an F2 cross of Japanese quail using recursive models. **Poultry Science**, v.95, p.764–773, 2016.
- CAETANO G.D.C.; MOTA R.R.; SILVA D.D.A.; DE OLIVEIRA H.R.; VIANA J.M.S.; DE SIQUEIRA O.H.G.B.D.; FREITAS P.H.F.; SILVA F.F. Bayesian estimation of genetic parameters for individual feed conversion and body weight gain in meat quail. **Livestock Science**, v.200, p.76–79, 2017.
- CALUS M.P.L.; VEERKAMP R.F. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.3756–3764, 2003.
- CALUS M.P.L.; JANSS L.L.G.; VEERKAMP R.F. Genotype by environment interaction for somatic cell score across bulk milk somatic cell count and days in milk. **Journal of Dairy Science**, v.89, p.4846–4857, 2006.
- FALCONER D.S.; MACKAY T.F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th Edition. Longmans Green. Harlow, Essex (UK)
- GIENAPP P.; LAINE V.N.; MATEMAN A.C.; VAN OERS K.; VISSER M.E. Environment-dependent genotype-phenotype associations in avian breeding time. **Frontiers in Genetics**, v.8, p.102, 2017.
- GONÇALVES F.M.; PIRES A.V.; PEREIRA I.G.; DRUMOND E.S.C.; FELIPE V.P.S.; PINHEIRO S.R.F. Genetic evaluation of European quails by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, p.2005–2011, 2012.
- HUSBY A.; KAWAKAMI T.; RÖNNEGÅRD L.; SMEDS L.; ELLEGREN H.; QVARNSTRÖM A. Genome-wide association mapping in a wild avian population identifies a link between genetic and phenotypic variation in a life-history trait. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Science**, v.282, 20150156, 2015.

- KAUSE A.; VAN DALEN S.; BOVENHUIS H. Genetics of ascites resistance and tolerance in chicken: a random regression approach. *G3 – Genes Genomes Genetics*, v.2, p.527–535, 2012.
- KOLMODIN R.; STRANDBERG E.; MADSEN P.; JENSEN J.; JORJANI H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. ***Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science***, v.52, p.11–24, 2002.
- MEYER K. WOMBAT – a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). ***Journal of Zhejiang University SCIENCE B***, v.8, p.815–821, 2007.
- MOTA R.R.; TEMPELMAN R.J.; LOPES P.S.; AGUILAR I.; SILVA F.F.; CARDOSO F.F. Genotype by environment interaction for tick resistance of Hereford and Braford beef cattle using reaction norm models. ***Genetics Selection Evolution***, v.48, 3, 2016.
- NRC, 1994. Nutrient Requirements of Poultry: 9th Revised Edition. The National Academies Press. Washington, DC (USA).
- SCHAEFFER L.R. Application of random regression models in animal breeding. ***Livestock Production Science***, v.86, p.35–45, 2004.
- SILVA L.P.; RIBEIRO J.C.; CRISPIM A.C.; SILVA F.G.; BONAFÉ C.M.; SILVA F.F.; TORRES R.A. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. ***Livestock Science***, v.153, p.27–32, 2013.
- STREIT M.; REINHARD F.; THALLER G.; BENNEWITZ J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. ***Journal of Animal Breeding and Genetics***, v.129, p.380–389, 2012.
- VARKOOHI S.; MORADI SHAHR BABAK M.; PAKDEL A.; NEJATI JAVAREMI A.; ZAGHARI M.; KAUSE A. Response to selection for feed conversion ratio in Japanese quail. ***Poultry Science***, v.89, p.1590–1598, 2010.

CAPÍTULO 3:

AVALIAÇÃO DA IMOBILIDADE TÔNICA EM CODORNAS DE CORTE VIA ANÁLISE DE SOBREVIVÊNCIA

RESUMO

CAETANO, Giovani da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro, 2018.
Avaliação da imobilidade tônica em codornas de corte via análise de sobrevivência.
Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

A imobilidade tônica (IT) é uma forma de medir o medo, caracterizada pela capacidade reduzida de responder estímulos externos. O tempo gasto em IT indica o nível de medo. Como a IT é medida como o tempo até ocorrência de eventos, a análise de sobrevivência destaca-se como um método estatístico adequado para o tratamento desses dados. Objetivou-se investigar a influência de possíveis fatores (linhagem, sexo e idade) sobre o comportamento de medo em codornas de corte (*Coturnix Coturnix*) medido por meio de IT usando análise de sobrevivência (método não paramétrico de Kaplan-Meyer, via teste logrank). O conjunto de dados foi composto por informações de IT fornecidas por 50 codornas de cada linhagem (UFV1 e UFV2) em cada idade (14 e 28 dias de idade), totalizando 200 registros. Apesar da ligeira diferença entre as duas idades avaliadas, não houve significância para este fator entre as duas linhagens, UFV1 ($P = 0.1493$) e UFV2 ($P = 0.2583$). O teste logrank indicou diferença significativa ($P = 0.0407$) entre os níveis de linhagem/sexo aos 14 dias de idade. Observamos que os machos da linhagem UFV2 apresentaram maior comportamento de medo em relação aos machos da linhagem UFV1. Não houve diferenças significativas para este fator quando se considerou 28 dias de idade.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*, curva de sobrevivência, kaplan meyer, teste logrank.

ABSTRACT

CAETANO, Giovani da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2018. **Tonic immobility evaluation in meat quail via survival analysis.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

Tonic immobility (IT) is a way to measure fear, as characterized by the reduced capacity to respond to external stimuli. The time spent in IT indicates the level of fear. Since IT is measured as the time until event occurrence, survival analysis stands out as a suitable statistical method to treat these data. We aimed to investigate the influence of possible factors (lines, sex and age) on fear behavior in meat quail (*Coturnix coturnix*) measured through IT by using survival analysis (non parametric Kaplan-Meyer method via logrank test). The dataset was composed by IT information provided by 50 quails from each line (UFV1 and UFV2) in each age (14 and 28 days of age), totalizing 200 records. Despite the slight difference between the two evaluated ages, there was no significance for this factor between each studied line, UFV1 (P= 0.1493) and UFV2 (P= 0.2583). The logrank test indicated significant difference (P=0.0407) between levels of line/sex groups at 14 days of age. We noted that males from UFV2 line presented higher fear behavior in relation to males from UFV1 line. No significant differences were observed for this factor when considering 28 days of age.

Key-words: *Coturnix coturnix*, survival curves, kaplan meyer, logrank test.

1. INTRODUÇÃO

O medo é uma fonte de estresse relacionado a doenças e a baixa produtividade em animais de produção em cativeiro. Dentre as consequências negativas do medo em aves, destacam-se o desperdício de energia, a perda de peso, a baixa conversão alimentar, a redução do tamanho do ovo, a maturidade sexual tardia e o comprometimento do sistema imunológico (Jones e Hocking, 1999).

Uma das formas de quantificar o nível de medo é por meio da imobilidade tônica (IT). A IT é uma forma de mensurar o medo, caracterizada pela capacidade de resposta reduzida a estímulos externos (Jones e Faure, 1981). Assim, o tempo de permanência em IT indica o nível de medo, isto é, quanto maior for o tempo de permanência no estado catatônico, mais amedrontado será o animal observado.

Sendo a IT mensurada como o tempo até a ocorrência de um evento, a análise de sobrevivência (AS) figura como um método estatístico adequado para tratar tais dados. A principal vantagem da AS é a utilização de dados censurados, os quais se caracterizam como informações incompletas do tempo até a ocorrência do evento em questão (Ducrocq et al., 2000). Dessa forma, se o animal permanecer em IT até um período de tempo predefinido, ou seja, se ele não demonstrar reação nesse período, este é dito censurado. Além disso, o tempo observado para animais que mostraram reação segue distribuições assimétricas, o que inviabiliza a utilização de técnicas estatísticas usuais fundamentadas na pressuposição de normalidade. Dentre os diferentes métodos de análise de sobrevivência, o não paramétrico de Kaplan-Meyer, seguido pelo teste log-rank, destaca-se pela simplicidade e ampla gama de aplicação (Colosimo e Giolo, 2006).

Diante do exposto, objetivou-se investigar a influência de possíveis fatores (linhagem, sexo e idade) sobre o comportamento de medo em codornas de corte (*Coturnix coturnix*), mensurado como o tempo em imobilidade tônica, mediante análise de sobrevivência (método não paramétrico de Kaplan-Meyer via teste log-rank).

2. MATERIAL E MÉTODOS

Todos os procedimentos com animais foram aprovados pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Animais do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Brasil (73 / 2014- Ceuap).

Os dados utilizados neste estudo são provenientes de um experimento realizado em 2015, conduzido pelo Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da UFV. Foram utilizadas observações individuais de tempo de permanência em imobilidade tônica aos 14 e aos 28 dias, mensurado em animais provenientes de duas linhagens, UFV1 e UFV2. Durante todo o período experimental, os animais foram alojados em galpão com piso de alvenaria com cobertura de maravalha, aquecimento com luz artificial e oferta de ração e água *ad libitum*.

Para mensuração das características, as aves foram retiradas dos boxes de crescimento (onde eram criadas separadas apenas por linhagem) com a finalidade de se reduzirem as influências ambientais que poderiam prejudicar a coleta dos dados. Antes das mensurações de IT, as aves foram pesadas e mantidas em caixas de plástico para transporte de aves, durante 10 minutos, para reduzir o estresse do manejo de coleta e da pesagem dos animais.

A IT foi medida de acordo com a metodologia descrita por Jones e Faure (1981), a qual consiste em colocar a ave, individualmente, em decúbito dorsal, restringindo-a sobre uma estrutura de madeira no formato de “V” para, finalmente, induzir o estado catatônico. Na sequência, o tempo foi aferido por cronômetro pelo observador. O tempo máximo em IT admitido foi de 60 segundos. Assim, para as aves que não saíram do estado catatônico no intervalo determinado, a observação foi computada como dado censurado.

As informações de sexo (macho e fêmea), linhagem (UFV1 e UFV2) e idade de aferição do peso corporal (aos 14 e 28 dias de idade) foram utilizadas como possíveis fatores para explicar a variação nos valores de IT. O banco de dados foi composto por informações de 50 animais de cada linhagem, em cada período de avaliação (14 e 28 dias de idade), totalizando 200 observações.

A análise de sobrevivência dos dados de IT foi realizada via método de Kaplan-Meier (KM). O tempo de falha correspondeu ao período em que as codornas permaneceram imóveis (isto é, em IT). As curvas de sobrevivência foram estimadas e comparadas (via teste log-rank) entre os níveis de cada fator de interesse (linhagens, sexo e idade). O método KM para estimação das curvas de sobrevivência bem como a aplicação do teste log-rank para realizar a comparação estatística delas foram implementados via procedimento LIFETEST, do *software* SAS® (SAS, 2015). Para verificar a hipótese da igualdade das curvas entre os níveis dos fatores estudados, utilizou-se uma significância de 5% no teste log-rank.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O efeito da idade de coleta de peso corporal (14 e 28 dias) sobre o tempo de permanência em IT é mostrado por meio das curvas de sobrevivência estimadas, na Fig. 1. O teste log-rank indicou não haver diferença ao nível de significância de 5% entre idades dentro de nenhuma das linhagens avaliadas, UFV1 ($P= 0,1493$) e UFV2 ($P= 0,2583$). Esse resultado sugere que o fator idade não foi suficiente para explicar as variações nos tempos de permanência em IT.

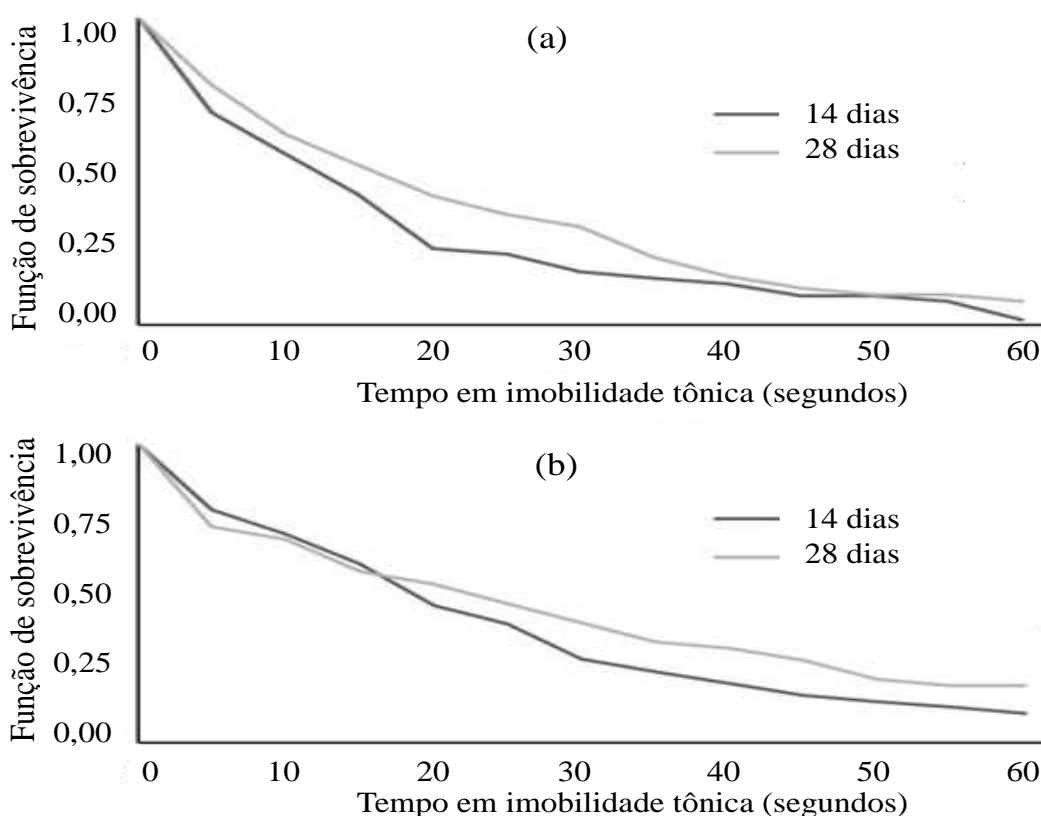


Figura 1. Curvas de sobrevivência estimadas para o tempo de permanência em imobilidade tônica avaliado aos 14 e 28 dias de idade, em duas linhagens de codornas de corte, UFV1 (a) e UFV2 (b).

Cada nível resultante da combinação entre os fatores linhagem e sexo (UFV1_macho, UFV1_fêmea, UFV2_macho e UFV2_fêmea) gerou uma curva de sobrevivência. Essas curvas foram comparadas separadamente, dentro de cada idade (Fig. 2). O teste log-rank evidenciou diferenças significativas ($P= 0,0407$) entre os quatro grupos aos 14 dias de idade, indicando que o tempo de permanência em IT foi ligeiramente afetado pela classe linhagem/sexo das aves na idade em questão. Por meio das curvas,

observa-se que os machos da linhagem UFV2 apresentaram maior nível de medo (maior tempo em IT) do que os machos da linhagem UFV1.

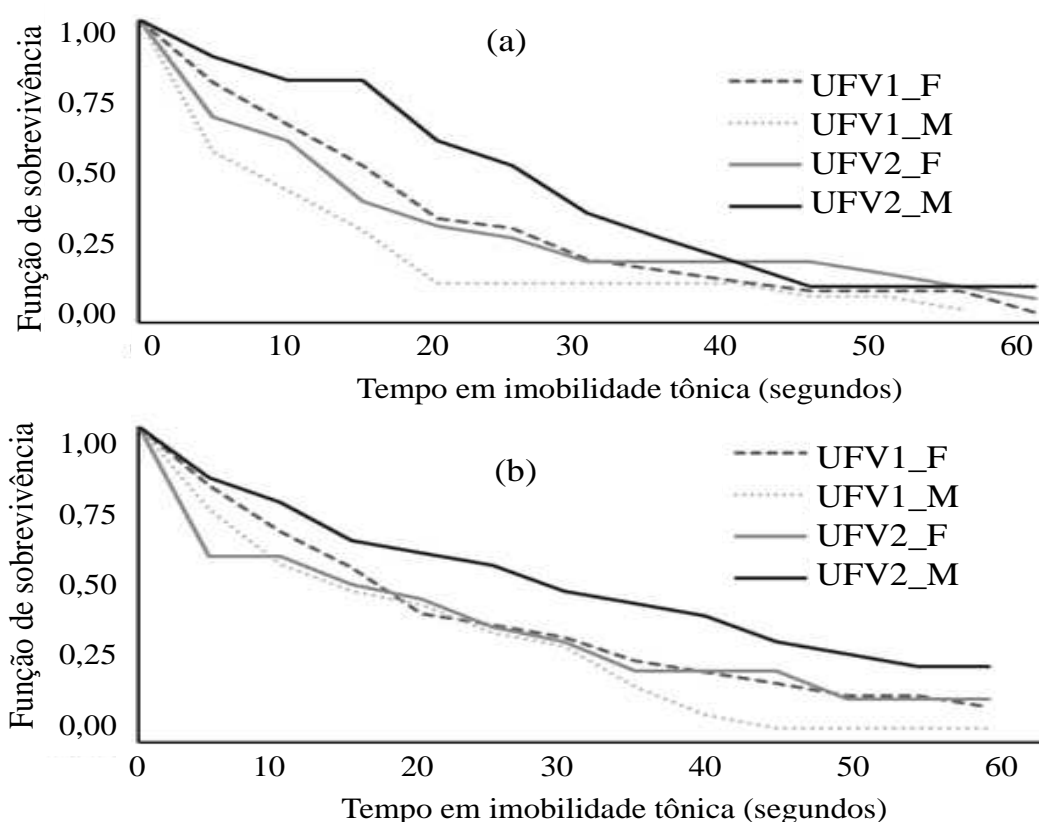


Figura 2. Curvas de sobrevivência estimadas para o tempo de permanência em imobilidade tônica para cada nível do fator linhagem/sexo (UFV1_fêmea, UFV1_macho, UFV2_fêmea e UFV2_macho) avaliadas em diferentes idades, 14 (a) e 28 (b) dias.

Para a idade de 28 dias, não foram detectadas diferenças significativas entre os grupos de linhagem/sexo ($P=0,1894$). O comportamento semelhante de IT entre machos e fêmeas dentro de cada linhagem e em cada idade difere de alguns estudos reportados na literatura. Akpa *et al.* (2007) relataram que, em frangos de corte com oito semanas de idade, o período em IT foi mais curto em machos do que em fêmeas. Campo e Carnicer (1993) revelaram que, entre uma a 52 semanas de idade, machos da raça White Leghorn persistiram maior tempo em imobilidade do que as fêmeas e sugeriram que a característica IT pode estar correlacionada com mudanças hormonais, já que, entre 12 e 20 semanas de idade, ocorreu uma inversão, de forma que os machos ficaram menos tempo imóveis.

4. CONCLUSÕES

O método de análise de sobrevivência de Kaplan-Meier via teste log-rank mostrou-se adequado na identificação dos fatores que afetam o tempo em imobilidade tônica associado ao comportamento de medo na fase de crescimento de codornas de corte.

As idades de mensuração (14 e 28 dias) do peso corporal não influenciaram significativamente o tempo de permanência em imobilidade tônica. Os níveis de linhagem/sexo afetaram significativamente o tempo de permanência em imobilidade tônica aos 14 dias de idade. Machos da linhagem UFV2 apresentaram maior nível de medo (maior tempo em IT) do que os machos da linhagem UFV1.

5. REFERÊNCIAS

- AKPA, G.N.; KOFFI, K.A.; HASSAN, M.R.; KABIR, M.; DURU, S.; YASHIM, S.M. Effects of feed type, sex and plumage condition on tonic immobility and blood parameters in broilers. **International Journal of Poultry Science**, v.6, p.218-222, 2007.
- CAMPO, J.L.; CARNICER, C. Realized heritability of tonic immobility in white leghorn hens: a replicated single generation test. **Poultry Science**, v.72, p.2193-2199, 1993.
- COLOSIMO, E.A.; GIOLO, S.R. **Análise de sobrevivência aplicada**. São Paulo: Edgard Blücher, 2006. 370p.
- DUCROCQ, V.; BESBES, B.; PROTAIS, M. Genetic improvement of laying hens viability using survival analysis. **Genetics Selection Evolution**, v.32, p.23-40, 2000.
- JONES, R.B.; FAURE, J.M. Tonic immobility (“righting time”) in laying hens housed in cages and pens. **Applied Animal Ethology**, v.1, p.369-372, 1981.
- JONES, R.B.; HOCKING, P.M. Genetic selection for poultry behaviour: big bad wolf or friend in need? **Animal Welfare**, v.8, p.343-359, 1999.
- SAS/STAT® 9.4 user’s guide. Cary: SAS Institute Inc, 2015.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O desenvolvimento do presente estudo possibilitou uma avaliação ampla das linhagens de codornas de corte UFV1 e UFV2, utilizando diferentes métodos estatísticos, características e diferentes fatores ligados ao melhoramento animal como interação genótipos e ambientes, conversão alimentar e bem estar animal.

Neste sentido, permitiu-se ampliar o conhecimento sobre as características avaliadas e utilizadas como critérios de seleção no Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, visando a obter ganho genético direto e indireto, redução de custos do programa, e uma produção sustentável quanto ao bem estar animal.

Alem disso, as diferentes metodologias permitiram avaliar de modo independente (capítulos 1 e 2) e de modo agrupado (capítulo 3) as linhagens UFV1 e UFV2, verificando assim, o estágio de desenvolvimento das mesmas dentro do Programa de Melhoramento da UFV após 12 gerações de seleção.

Dada à importância do melhoramento animal, ampla utilização da codorna como animal modelo de pesquisa, expansão da coturnicultura como uma atividade econômica, e do aumento da exigência de mercado, torna-se necessário o desenvolvimento de linhagens com alto potencial genético e competitividade para o mercado. Podendo reduzir custos dos programas de melhoramento e expansão desta atividade no país de modo sustentável.