

LUCIANO PINHEIRO DA SILVA

**COMPARAÇÃO DE MODELOS DE CRESCIMENTO E INTERAÇÃO
GENÓTIPOS POR AMBIENTES NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
CODORNAS DE CORTE**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

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

T

S586a
2014
Silva, Luciano Pinheiro da, 1986-
Avaliação genética e alteração da forma da curva de
crescimento em codornas de corte / Luciano Pinheiro da Silva. –
Viçosa, MG, 2014.
viii, 37f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Codorna - Crescimento. 2. Interação genótipo-ambiente.
3. *Coturnix*. 4. Modelos não lineares. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-graduação
em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 639.12855

LUCIANO PINHEIRO DA SILVA

**COMPARAÇÃO DE MODELOS DE CRESCIMENTO E INTERAÇÃO
GENÓTIPOS POR AMBIENTES NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
CODORNAS DE CORTE**

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

APROVADA: 26 de maio de 2014.



Henrique Torres Ventura



Robson Marcelo Rossi



Fabyano Fonseca e Silva

(Coorientador)



Sebastião Martins Filho



Robledo de Almeida Torres

(Orientador)

"Se vi mais longe foi por estar de pé sobre ombros de gigantes."

Sir Isaac Newton, 1676

Ao meu pai Gentil e à minha mãe Iomar;
Ao meu irmão Leonardo e minha irmã Liliane;
Aos meus amigos,

dedico este trabalho.

Agradecimentos

A Deus, por estar presente em todos os momentos dessa caminhada.

À Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade de realização deste trabalho. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela bolsa concedida no início do curso e pelo programa Ciências sem Fronteiras, em período “sanduíche” no exterior.

À Agencia Española de Cooperación Internacional para el Desarrollo (AECID) pelo auxílio financeiro no curso Internacional de Mejora Genética, bem como ao Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA - Espanha) por oferecer o curso, em especial ao Dr. Jesús Fernandez por nos receber.

À University of Illinois at Urbana-Champaign, pela acolhida nos Estados Unidos no período de doutorado “sanduíche”, aos colegas e em especial à coorientadora Sandra Rodriguez-Zas. À fundação Lehmann pelo auxílio financeiro prestado no período de intercâmbio nos Estados Unidos.

Ao professor Robledo de Almeida Torres pela orientação, pelo convívio, pelo incentivo, pelos conselhos e ensinamentos desde a época da graduação e orientação de mestrado. Aos professores Fabyano Fonseca e Silva e Sebastião Martins Filho pelo auxílio sempre presente nos projetos desenvolvidos desde o mestrado. Ao professor Robson Marcelo Rossi e ao pesquisador Henrique Torres Ventura por participarem da banca.

Aos amigos que me suportaram no dia-a-dia de disciplinas e experimentos: Aline, Ariane (In memoriam), Camila, Giovani, Jeferson, Karolina, Lorena, Marcela, Rodrigo, Stefani, William e outros tantos que contribuíram para meu aprendizado e tiveram paciência ao lidar comigo, mesmo nos momentos mais difíceis.

A todos que, por descuido ou desatenção, esqueci de citar, mas que direta ou indiretamente contribuíram para a execução deste trabalho.

Biografia

Luciano Pinheiro da Silva, filho de Gentil Pinheiro da Silva e Iomar Bento Ramos da Silva, nasceu no Rio de Janeiro em 31 de maio de 1986.

Em março de 2004 iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, MG, onde foi monitor da disciplina de Genética por um ano e bolsista de iniciação científica por dois anos, sob orientação do professor Robledo de Almeida Torres, vindo a fazer parte do grupo do Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte do Departamento de Zootecnia da UFV.

Em janeiro de 2009 graduou-se em Zootecnia e em março do mesmo ano iniciou o mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Genético Animal, sob orientação do professor Robledo de Almeida Torres, na Universidade Federal de Viçosa.

Em julho de 2010, obteve o título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa. Em agosto do mesmo ano iniciou o curso de doutorado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa sob orientação do professor Robledo de Almeida Torres.

Em novembro de 2012 foi aprovado no exame de qualificação. Em 2013 iniciou o período “sanduíche” no exterior, sob orientação da Dr. Sandra Rodriguez-Zas, de fevereiro a setembro.

Em maio de 2014, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de *Doctor Scientiae* em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa.

ÍNDICE

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	ix
Introdução Geral.....	1
Referências Bibliográficas	3

CAPÍTULO I

Comparação de modelos não lineares tradicionais e alternativos na descrição do crescimento de codornas de corte

RESUMO.....	4
ABSTRACT.....	5
INTRODUÇÃO.....	6
MATERIAL E MÉTODOS.....	7
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	12
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	18

CAPÍTULO II

Análise genética do crescimento de codornas de corte em diferentes ambientes

nutricionais

RESUMO.....	21
ABSTRACT.....	22
INTRODUÇÃO.....	23
MATERIAL E MÉTODOS.....	24
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
CONCLUSÃO.....	29
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29

RESUMO

SILVA, Luciano Pinheiro da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2014. **Comparação de modelos de crescimento e interação genótipos por ambientes na avaliação genética de codornas de corte.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientador: Fabyano Fonseca e Silva.

No primeiro capítulo foram utilizados dados de sete pesos corporais, do nascimento a sexta semana de vida de codornas de corte e a partir deste conjunto de dados foram ajustados 15 modelos não lineares: Brody, Gompertz, Hill, Janoschek, Logístico, Meloun I, Meloun II, Mitscherlich, Michaelis-Menten, Michaelis-Menten modificado, Richards, Schnute, Von Bertalanffy, Weibull e Morgan-Mercer-Flodin. Foram utilizados os parâmetros de coeficiente de determinação ajustado, critérios de Akaike e bayesiano de Schwarz, teste de Durbin-Watson, Coeficientes de variação e porcentagem de convergência, agrupados utilizando a metodologia de componentes principais. Os modelos que agruparam o maior número de parâmetros de qualidade de ajuste foram Weibull, Gompertz, Logístico e Janoschek, sendo estes os mais recomendáveis para ajustes de curvas de crescimento em codornas de corte. Em um segundo capítulo avaliou-se um método em duas etapas para o estudo da interação genótipos x ambientes em curvas de crescimento. Foram utilizados dados de 2274 codornas de corte de duas linhagens, em dez níveis de proteína bruta (24 a 33% PB), pesadas do nascimento até a sexta semana de idade. O modelo de Gompertz foi ajustado e os parâmetros utilizados como fenótipo para análise de normas de reação sob modelo animal tendo como gradiente ambiental o nível de proteína na dieta. Normas de reação dos valores genéticos dos parâmetros da curva, herdabilidades, correlações genéticas e curvas de crescimento projetadas a partir da média de efeitos fixos e valores genéticos de cada animal. O parâmetro relacionado a peso assintótico foi o mais estável, tanto em normas de reação quanto em herdabilidades e correlações genéticas, porém os parâmetros relacionados às condições iniciais e à taxa de crescimento sofreram forte influência do gradiente nutricional. O ambiente em plantéis em seleção deve ser similar ao utilizado em escala industrial para minimizar diferenças em relação àquela conseguida pelos trabalhos de melhoramento.

ABSTRACT

SILVA, Luciano Pinheiro da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2014. **Comparison of growth models and genotype by environment interaction on genetic evaluation of meat-type quails.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-adviser: Fabyano Fonseca e Silva.

In the first chapter records from seven body weights from hatch to the sixth week of life of meat-type quails were used and from this data set 15 non-linear models were fitted: Brody, Gompertz, Hill, Janoschek, Logistic, Meloun I, Meloun II, Mitscherlich, Michaelis-Menten, Modified Michaelis-Menten, Richards, Schnute, Von Bertalanffy, Weibull and Morgan-Mercer-Flodin. Parameters were adjusted coefficient of determination, Akaike information criterion and Schwarz Bayesian information criterion, Durbin-Watson statistics, coefficients of variation for initial and final growth and percentage of convergence, clustered using the methodology of principal components. The models with the greatest number of grouped quality parameters are Weibull, Gompertz, Logistic and Janoschek being more indicated for fitting growth curves in meat-type quail. In a second study we evaluated a two-step approach for studying genotype by environment interaction in growth curves. We used data from 2274 quails, from two lines, raised in ten levels of crude protein (24-33% CP), weighed from hatch until six weeks old totalizing up to seven measurements of body weight. The Gompertz model was fitted and the parameters used as phenotype in reaction norm analysis using animal model with level of dietary protein being the environmental gradient. Reaction norms of genetic values of curve parameters, heritability, genetic correlations and projected growth curves from the mean of fixed effects group and breeding values for each animal were estimated. The parameter related to asymptotic weight was the most stable in reaction norms, heritability and genetic correlations, but the parameters related to the initial conditions and the slope of growth experienced strong influence of nutritional gradient. The nutritional environment used to breed quails should be similar to that used by the final user in order to minimize the differences from elite stocks.

Introdução Geral

Segundo Lôbo et al. (2006) estudos relacionados ao crescimento dos animais de corte são importantes em programas de melhoramento genético, por permitir subsídios para a seleção para precocidade, ganho de peso etc. O crescimento desses animais pode ser representado graficamente por uma curva que geralmente apresenta comportamento sigmoidal em todas as espécies. Essa curva relaciona o peso à idade, fornecendo informações sobre o desenvolvimento do animal em todas as fases da vida.

Com a curva de crescimento podemos estimar parâmetros de interesse para o melhoramento como peso adulto, taxa de crescimento, idade ótima ao abate e outras informações adicionais através de poucos parâmetros biologicamente interpretáveis.

Segundo Lopes (1983), o ajuste de funções de crescimento proporciona uma alternativa para a seleção, necessitando apenas que as estimativas dos parâmetros da própria função e daquelas por elas geradas, apresentem herdabilidades médias. Além disso, a associação destes parâmetros aos caracteres produtivos e reprodutivos dos animais pode ser utilizada em programas de seleção.

A herdabilidade indica a proporção da performance do indivíduo que é de origem genética e que pode ser transmitida aos descendentes. Pode ser definida como a proporção da variância da expressão de uma determinada característica que é de natureza aditiva. Permite dizer se o melhoramento genético feito por seleção será eficaz e também decidir qual estratégia deverá ser utilizada (Minvielle, 1990).

A curva de crescimento pode ser modificada de acordo com os critérios de seleção aos quais as aves foram submetidas, particularmente se a seleção foi feita a uma determinada idade padronizada como, por exemplo, a idade ao abate. A seleção realizada sobre o peso em idades precoces tem aumentado simultaneamente o peso, a velocidade de crescimento inicial e a taxa de maturação (Barbato, 1992).

Segundo Tholon et al. (2009) uma forma de avaliar geneticamente e caracterizar o crescimento animal seria a estimação de herdabilidades de seus parâmetros, uma vez que estes caracterizam a forma e a intensidade do crescimento médio da população. Estimativas de herdabilidade dos parâmetros da curva são necessárias em programas de melhoramento, pois podem indicar a taxa de melhoramento que pode ser atingida pela

seleção, permitindo prever a quantidade do ganho genético que será alcançado (Braccini Neto, 1993).

As correlações genéticas e fenotípicas entre os parâmetros também merecem destaque, pois permitem a predição de respostas correlacionadas entre características produtivas e reprodutivas (Tholon et al., 2009), permitindo ao melhorista prever as respostas correlacionadas que serão obtidas nos caracteres produtivos e reprodutivos quando a seleção for feita com base nos parâmetros da curva. Segundo Fitzhugh Jr. & Taylor (1976), a mudança genética na forma do crescimento está limitada pelo grau de dependência entre os parâmetros inflexão, índice de maturidade e o peso assintótico.

Segundo McManus et al. (2003), biologicamente, o relacionamento mais importante para uma única curva é entre parâmetros de peso assintótico (A) e velocidade crescimento (k). A correlação negativa entre estes parâmetros indica que animais que amadurecem mais cedo têm menos probabilidade de atingir pesos adultos mais altos que animais que amadurecem mais devagar. Esse resultado foi encontrado por Souza et al. (2009) utilizando dados de 18 pesagens (mensais) do nascimento aos 540 dias de idade para descrever o crescimento em caprinos da raça Mambrina. Os modelos não lineares utilizados foram: Brody, Von Bertalanffy, Richards, Gompertz e Logístico, sendo este o último o que melhor se ajustou.

Knizetova et al. (1991) observaram em aves certa independência entre os parâmetros k e A, sinalizando o antagonismo entre ambos, indicando que a seleção baseada em maior precocidade (maiores valores de k) poderia conduzir a menores pesos finais. Correlações negativas entre os parâmetros m (posição do ponto de inflexão da curva) e A, foram obtidas, significando que coesões de crescimento com maiores valores de m são visivelmente mais curvadas e, com isso, as estimativas do peso assintótico são mais baixas. A correlação obtida entre m e k foi de 0,91, indicando que, quanto maior a curvatura das funções, maior será a precocidade dos animais em termo de peso. Silva et al. (2002) estimaram a herdabilidade e a correlação genética para os parâmetros: peso assintótico (A) e taxa de maturidade (k) da função de crescimento de Brody Modificada, ajustada a dados de novilhos Nelore. Os coeficientes de herdabilidade estimados para A e k foram, respectivamente, 0,28 e 0,36 sugerindo que esses podem ser utilizados no estabelecimento de estratégias de seleção. A correlação genética encontrada, alta e negativa (-0,86), entre os parâmetros A e k, indica a ocorrência de um antagonismo entre

as estimativas desses parâmetros; portanto, ao se selecionar animais buscando maior taxa de maturidade (mais precoces), obtêm-se animais de menor peso adulto, aumentando, assim, a eficiência do rebanho

Devido à dificuldade de obtenção de medidas, o número de animais estudados é muitas vezes limitado, o que provavelmente explica que os resultados são extremamente variáveis (Mignon-Grasteau e Beaumont 2000).

O objetivo deste trabalho foi em uma primeira etapa definir modelos de regressão não linear que apresentem melhor ajuste para o crescimento de codornas de corte e em uma segunda etapa avaliar a sensibilidade dos parâmetros da curva de crescimento às mudanças de gradiente ambiental.

Referências bibliográficas

BARBATO, G.F. Genetic architecture of carcass composition in chickens. **Poultry Science**, v.71, p.789-798, 1992.

BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura**. 1993. 102f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, RS.

LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; LOBO, A.M.B.O. et.al. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **R. Bras. Zootec.**, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006 (supl.).

LOPES, P.S. Curvas de crescimento, análise econômica e estudo de índices de seleção para aves Legorne. Viçosa: UFV. 116. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1983.

MINVIELLE, F. Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques. Paris: INRA, 1990. p. 211.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **PRODUCTIONS ANIMALES-PARIS-INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE-**, v. 13, n. 5, p. 337-348, 2000.

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

Capítulo I

Comparação de modelos não lineares tradicionais e alternativos na descrição do crescimento de codornas de corte

RESUMO

Foram utilizados dados de sete pesos corporais, do nascimento a sexta semana de vida de codornas de corte e a partir deste conjunto de dados foram ajustados 15 modelos não lineares: Brody, Gompertz, Hill, Janoschek, Logístico, Meloun I, Meloun II, Mitscherlich, Michaelis-Menten, Michaelis-Menten modificado, Richards, Schnute, Von Bertalanffy, Weibull e Morgan-Mercer-Flodin. A partir de parâmetros de coeficiente de determinação ajustado, critérios de Akaike e bayesiano de Schwarz, teste de Durbin-Watson, Coeficientes de variação e porcentagem de convergência, os modelos foram agrupados, utilizando a metodologia de componentes principais. Os modelos que agruparam o maior número de parâmetros de qualidade de ajuste foram Weibull, Gompertz, Logístico e Janoschek, sendo estes os mais recomendáveis para ajustes de curvas de crescimento em codornas de corte.

Palavras-chave: Agrupamento, Coturnix, Curvas de crescimento.

Chapter I

Comparison of traditional and alternative nonlinear models to describe growth in meat-type quail

ABSTRACT

Records from seven body weights from hatch to the sixth week of life of meat-type quails were used and from this data set 15 non-linear models were fitted: Brody, Gompertz, Hill, Janoschek, Logistic, Meloun I, Meloun II, Mitscherlich, Michaelis-Menten, Modified Michaelis-Menten, Richards, Schnute, Von Bertalanffy, Weibull and Morgan-Mercer-Flodin. From parameters like adjusted coefficient of determination, Akaike information criterion and Schwarz Bayesian information criterion, Durbin-Watson statistics, coefficients of variation for initial and final growth and percentage of convergence, models were clustered using the methodology of principal components. The models with the greatest number of grouped quality parameters are Weibull, Gompertz, Logistic and Janoschek being more indicated for fitting growth curves in meat-type quail.

Keywords: Clustering, Coturnix, Growth curves.

INTRODUÇÃO

Na maioria dos programas de melhoramento de aves, o desenvolvimento corporal dos animais é considerado apenas pelo peso corporal ou ganhos de pesos em determinadas idades ou faixas etárias.

Quando uma sequência de pesagens, ou quaisquer medidas de características de crescimento, são tomadas em um mesmo indivíduo, do nascimento à maturidade, é possível construir uma curva do tamanho em função da idade, que representa todo o processo de crescimento.

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

Geralmente as curvas de crescimento são estudadas por meio do ajuste de funções não lineares. Desta maneira, é possível sintetizar informações de todo o período da vida dos animais, ou seja, trabalhar com um conjunto de informações em série de peso por idade, por exemplo, que serão quantificados num conjunto de parâmetros interpretáveis biologicamente, facilitando assim, o entendimento do fenômeno de crescimento (FITZHUGH JR., 1976). Além disso, os modelos não lineares possuem uma qualidade de ajuste superior comparados aos modelos lineares.

Devido às diferenças entre os modelos de regressão não linear, quando estes são ajustados a um mesmo conjunto de dados, torna-se necessário utilizar metodologias estatísticas com o intuito de compará-los e indicar o melhor modelo. Tais técnicas são denominadas de avaliadores da qualidade de ajuste.

A maioria dos trabalhos envolvendo comparação de modelos de crescimento utiliza apenas o coeficiente de determinação (R^2) e o desvio padrão residual como avaliadores da qualidade de ajuste. Outros importantes avaliadores como o critério de informação de Akaike (AIC), (AKAIKE, 1974), critério de informação bayesiano (BIC) (SCHWARZ, 1978), Quadrado médio do erro (QME), coeficiente de determinação predito e percentual de convergência também podem ser considerados, resultando em maior precisão, uma vez que estes avaliadores levam em consideração outros fatores como a análise da independência residual e o grau de parametrização dos modelos comparados.

O teste de Durbin-Watson é utilizado para detectar a presença de autocorrelação (uma relação entre os valores separados uns dos outros por um determinado intervalo de

tempo), nos resíduos a partir de uma análise de regressão. Durbin & Watson (1950 e 1951) aplicaram esta estatística para os resíduos de regressões de mínimos quadrados, e desenvolveram testes de limites para a hipótese nula de que os erros são serialmente não correlacionados contra a alternativa de que eles seguem um processo auto regressivo de primeira ordem.

As técnicas de análise multivariada possibilitam que um grande conjunto de variáveis em um conjunto menor, a fim de reter, em ordem de estimação, o máximo de informação, em termos de variação total contida nos dados originais (REGAZZI, 2009).

O objetivo deste trabalho foi, a partir de um grupo de modelos não lineares aplicados à curva de crescimento em codornas de corte, avaliar o ajuste dos modelos, utilizando o coeficiente de determinação ajustado, critérios de Akaike e bayesiano de Schwarz, teste de Durbin-Watson, Coeficientes de variação e porcentagem de convergência, resumidos através de análise de componentes principais.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 6632 codornas de corte (*Coturnix coturnix*) da linhagem UFV1 (3425 fêmeas e 3207 machos) e 6531 da linhagem UFV2 (3417 fêmeas e 3114 machos) provenientes do programa de melhoramento de aves da Universidade Federal de Viçosa. Os animais foram criados em piso de concreto coberto com cama de maravalha, com água e ração a vontade. A dieta formulada foi de 2900kcal de energia metabolizável e 24 a 28% de proteína bruta. Foi utilizada iluminação intermitente com lâmpadas incandescentes até os 14 dias de vida para fornecer calor aos animais jovens e após, até os 42 dias de vida utilizou-se iluminação natural.

As aves, no decorrer de 10 gerações, entre 2005 e 2010, foram selecionadas para maior peso corporal aos 28 dias a cada geração sendo selecionados 102 machos e 204 fêmeas. A partir dos 42 dias de vida, os animais foram alojados em gaiolas para reprodução, com uma fêmea por gaiola e um macho para cada duas fêmeas, sendo a alternância entre reprodutrices executada a cada três dias.

Para ajustar os modelos de regressão não linear apresentados no Quadro 1 aos dados de crescimento de codornas de corte, utilizou-se o método dos quadrados mínimos ordinários cujas soluções foram obtidas por meio do processo iterativo de Gauss-Newton.

Considerando um modelo não linear qualquer, na forma matricial, tem-se:

$$\mathbf{y} = f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}^o) + \boldsymbol{\varepsilon},$$

em que:

$$\mathbf{y} = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix}, f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}^o) = \begin{bmatrix} f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_1^o) \\ f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_2^o) \\ \vdots \\ f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}_n^o) \end{bmatrix} \text{ e } \boldsymbol{\varepsilon} = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix}$$

A soma dos quadrados dos erros aleatórios (SQE) deverá ser minimizada por $\boldsymbol{\theta}$, portanto a função de mínimos quadrados para um modelo não linear é dada por:

$$SQE(\boldsymbol{\theta}) = \sum_{i=1}^n [y_i - f(x_i, \boldsymbol{\theta})]^2,$$

a qual pode ser representada matricialmente por:

$$SQE(\boldsymbol{\theta}) = [\mathbf{y} - f(\boldsymbol{\theta})]' [\mathbf{y} - f(\boldsymbol{\theta})]$$

No presente trabalho adotou-se o critério de convergência quando o máximo de d_j

$d_j = \left| \frac{(\hat{\theta}_{j,k+1} - \hat{\theta}_{jk})}{\hat{\theta}_{jk}} \right|$, para $j=1, 2, \dots, p$, para a k -ésima iteração, a expressão que representa o processo iterativo de Gauss-Newton.

Quadro 1. Modelos de regressão não linear utilizados para descrever curvas de crescimento em codornas de corte do nascimento aos 42 dias de vida

Modelo	Modelo de Curva de Crescimento	Referência
--------	--------------------------------	------------

Schnute	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + \beta_4 e^{(\beta_3 \beta_2 - x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	Schnute (1981)
Mitscherlich	$y_i = \beta_1 \left(1 - e^{(\beta_3 \beta_2 - \beta_3 x_i)}\right) + e_i$	Mitscherlich (1919)
Janoschek	$y_i = \beta_1 - (\beta_1 - \beta_2) e^{(-\beta_3 x_i \beta_4)} + e_i$	Janoschek (1957)
Richards	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	Richards (1959)
Gompertz	$y_i = \beta_1 e^{(-e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)})} + e_i$	Gompertz (GOMPERTZ & PHILOS, 1825)
Logístico	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)} + e_i$	Logístico (RICHARDS, 1959)
Meloun I	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)} + e_i$	Meloun I (MELOUN & MILITKY, 1996)
Meloun II	$y_i = \beta_1 - e^{(-\beta_2 - \beta_3 x_i)} + e_i$	Meloun II (MELOUN & MILITKY, 1996)
Brody	$y_i = \beta_1 \left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right) + e_i$	Brody (1945)
Von Bert	$y_i = \beta_1 \left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right)^3 + e_i$	Von Bertalanffy (1957)
MM I	$y_i = \frac{\beta_1 x_i}{x_i + \beta_2} + e_i$	Michaelis-Menten (MICHAELIS & MENTEN, 1913)
MM II	$y_i = \frac{\beta_2 \beta_3^{\beta_4} + \beta_1 x_i^{\beta_4}}{\beta_3^{\beta_4} + x_i^{\beta_4}} + e_i$	Michaelis-Menten Modificado (LOPEZ et al., 2000)
Weibull	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i^{\beta_4}} + e_i$	Weibull (YANG et al., 1983)
Hill	$y_i = \frac{\beta_1 x^{\beta_3}}{\beta_2 + x^{\beta_3}} + e_i$	Hill (1913)
MMF	$y_i = \beta_1 - \frac{\beta_1 - \beta_2}{(1 + (\beta_3 x)^{\beta_4})} + e_i$	Morgan-Mercer-Flodin (1975)

Os avaliadores da qualidade de ajuste de modelos de regressão não lineares foram: o coeficiente de determinação ajustado, critérios de Akaike e Bayesiano de Schwarz, teste de Durbin-Watson, coeficientes de variação do nascimento aos 21 dias e dos 28 aos 42 e porcentagem de convergência dos modelos.

O coeficiente de determinação ajustado é usado para comparar a qualidade do ajuste entre modelos, sendo estimado pelo quadro da correlação entre os valores observados (fenótipos) e os estimados pela função não linear.

O critério de informação de Akaike (AIC) permite utilizar o princípio da parcimônia na escolha do melhor modelo, ou seja, de acordo com este critério nem sempre o modelo mais parametrizado é melhor (BURNHAM e ANDERSON, 2004). Menores valores de AIC refletem um melhor ajuste (AKAIKE, 1974). Sua expressão é dada por: $AIC = -2\ln(L) + 2p$ em que: p é o número de parâmetros e $\ln L$ o valor do logaritmo da função de verossimilhança (L) considerando as estimativas dos parâmetros.

De maneira similar ao AIC, o BIC (critério de informação Bayesiano de Schwarz) também leva em conta o grau de parametrização do modelo, e da mesma forma, quanto menor for o valor de BIC (SCHWARZ, 1978), melhor será o ajuste do modelo. Sua expressão é dada por: $BIC = -2\ln(L) + p \ln(n)$ em que n é o número de observações utilizadas para ajustar a curva.

O coeficiente de convergência é utilizado quando se tem ajustes individuais, ou seja, o interesse reside em ajustar uma curva para dados de cada animal. Sendo assim, é possível observar qual modelo apresenta maior facilidade de convergência, que é dado pela porcentagem de ajustes que convergiram. Esta porcentagem é definida pelo número de animais convergidos sobre o número total de animais.

Após a obtenção dos avaliadores apresentados para cada um dos modelos analisados, foi montado um arquivo resumido contendo a média dos avaliadores para cada modelo. Então foi feita análise de componentes principais dentro de cada grupo de linhagem/sexo.

Preliminarmente foram eliminadas as variáveis redundantes que poderiam causar severa multicolinearidade. O diagnóstico foi feito através da correlação entre as características, havendo necessidade de eliminação do AIC ou BIC da análise, uma vez que os dois avaliadores são derivados do mesmo número, o logaritmo da função de verossimilhança. Uma vez que a parametrização exerce pouca influência nos outros

parâmetros analisados, optou-se por manter o BIC, que apresenta uma penalização mais elevada para o número de parâmetros.

Além do BIC, a análise de componentes principais foi feita incluindo R^2 ajustado, critério de Durbin-Watson (DW), porcentagem de convergência (%C), coeficiente de variação de 1 a 21 dias (CV1) coeficiente de variação de 28 aos 42 dias de vida (CV2).

O método de análise de componentes principais, a partir da matriz de correlação, consiste em transformar um conjunto de variáveis Z_1, Z_2, \dots, Z_p em um novo conjunto de variáveis $Y_1(1), Y_2(2), \dots, Y_p(p)$ (Regazzi, 2009). Dessa forma, um novo conjunto de p variáveis não correlacionadas entre si e arranjadas em ordem decrescente de variâncias é definido. A ideia principal nesse procedimento é que poucos, entre os primeiros componentes principais, possuem a maior variabilidade dos dados originais, contudo, pode-se racionalmente descartar os demais componentes, reduzindo o número de variáveis. Tendo em vista o grande número de variáveis medidas em unidades diferentes, foi necessária a padronização destas variáveis X_j ($j = 1, 2, \dots, p$).

Para descarte de variáveis, a variável dominante (aquela que possui maior correlação) no componente principal de menor autovalor (menor variância) deve ser menos importante para explicar a variância total e, portanto, é passível de descarte (REGAZZI, 2009). A razão é que variáveis altamente correlacionadas aos componentes principais de menor variância representam variação praticamente insignificante (MARDIA et al., 1997).

O critério do número de variáveis descartadas foi, conforme recomendações de Jolliffe (1972 e 1973), baseado em dados simulados e reais, com a análise de componentes principais a partir da matriz de correlação. Esse critério estabelece que o número de variáveis descartadas deve ser igual ao de componentes cuja variância (autovalor) é inferior a 0,7.

As análises de regressão não linear foram realizadas no programa SAS System for Windows, licenciado pela Universidade Federal de Viçosa (SAS INSTITUTE, CARY NC, 2003). As estimativas, por animal foram compiladas em um arquivo único, com todos os modelos e critérios avaliados. Deste arquivo, fez-se a análise de componentes principais. A partir dos dois primeiros componentes principais foi feito o agrupamento dos modelos, sendo o número de agrupamentos determinado através de distância Euclidiana, por meio do pacote NbClust (CHARRAD et al., 2012), do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008). O número de agrupamentos foi determinado

através de análise gráfica da estatística de Hubert e do índice D, ainda pelo pacote NbClust. O índice D é baseado em ganho na inércia de agrupamento intra-cluster.

RESULTADOS

Os resultados dos avaliadores utilizados neste estudo para as duas linhagens em ambos os sexos estão nas tabelas 1 até 4.

Tabela 1 – Valores dos parâmetros analisados para modelos não lineares ajustados às fêmeas da linhagem UFV1, do nascimento aos 42 dias de vida.

Modelo	BIC	R ² Aj	DW	Conv	CV1	CV2
Brody	60,70	62,02	1,19	65,03	49,75	41,64
Gompertz	45,83	99,23	2,51	99,94	62,99	58,77
Hill	50,77	81,81	1,53	83,05	66,66	56,30
Janoschek	42,13	97,02	2,94	98,37	63,78	61,44
Logístico	50,30	99,01	2,06	99,94	55,49	56,51
Meloun I	60,69	95,30	1,31	65,00	49,72	41,63
Meloun II	60,91	57,02	1,10	60,65	49,68	41,15
Mitscherlich	60,70	91,24	1,25	65,03	49,74	41,64
MMI	44,07	97,05	2,80	96,16	64,06	59,85
MMII	62,15	97,15	1,36	99,97	77,08	56,40
Richards	78,84	48,93	0,65	30,95	62,79	56,68
Schnute	73,79	86,92	0,82	99,88	58,20	34,42
Von Bert	48,41	98,01	2,22	99,40	62,79	56,68
Weibull	42,38	90,07	2,89	97,47	63,85	61,35
MMF	48,62	18,94	0,97	28,82	57,50	56,14

Tabela 2 – Valores dos parâmetros analisados para modelos não lineares ajustados às fêmeas da linhagem UFV2, do nascimento aos 42 dias de vida.

Modelo	BIC	R ² Adj	DW	Conv	CV1	CV2
Brody	60,79	49,47	1,05	55,76	50,60	37,93
Gompertz	45,86	99,24	2,54	99,91	61,41	58,70
Hill	50,64	85,86	1,55	82,34	68,53	57,90
Janoschek	42,34	96,38	2,95	98,07	62,64	61,30
Logístico	51,23	99,04	2,02	99,91	55,00	57,34
Meloun I	60,79	94,93	1,19	55,82	50,61	37,93
Meloun II	61,15	96,12	0,95	50,86	50,37	37,29
Mitscherlich	60,79	89,24	1,11	55,76	50,60	37,93
MM I	44,08	95,95	2,77	94,13	62,99	60,65
MM II	62,11	97,23	1,34	99,94	77,92	56,39
Richards	79,14	42,61	0,71	50,21	69,80	45,11
Schnute	73,69	87,87	0,82	99,88	58,32	32,84
Von Bert	47,95	98,49	2,32	99,50	62,70	57,04
Weibull	42,62	89,25	2,90	97,08	62,59	61,18
MMF	50,02	11,84	0,83	23,05	57,95	56,97

Tabela 3 – Valores dos parâmetros analisados para modelos não lineares ajustados aos machos da linhagem UFV1, do nascimento aos 42 dias de vida.

Modelo	BIC	R ² Aj	DW	Conv	CV1	CV2
Brody	60,08	81,81	1,45	81,41	51,66	33,16
Gompertz	43,70	99,45	2,50	100,00	65,48	56,30
Hill	50,66	66,89	1,29	76,33	63,79	51,45
Janoschek	39,77	98,04	2,97	98,69	64,14	62,12
Logístico	47,27	99,36	2,11	100,00	60,50	55,82
Meloun I	60,14	97,27	1,73	77,86	51,66	33,16
Meloun II	86,41	18,22	0,69	77,42	51,85	32,82
Mitscherlich	60,08	94,09	1,48	81,32	51,64	33,14
MM I	43,05	98,03	2,78	97,72	63,70	57,64
MM II	62,11	96,96	1,39	100,00	76,41	47,68
Richards	73,99	22,24	0,92	47,64	68,67	45,74
Schnute	73,67	86,07	0,84	99,96	59,95	28,90
Von Bert	47,93	98,65	2,06	99,68	62,84	51,29
Weibull	39,96	95,12	2,95	98,75	64,22	62,12
MMF	45,84	37,10	1,37	44,74	60,87	54,84

Tabela 4 – Valores dos parâmetros analisados para modelos não lineares ajustados aos machos da linhagem UFV2, do nascimento aos 42 dias de vida.

Modelo	BIC	R ² Aj	DW	Conv	CV1	CV2
Brody	60,37	76,36	1,40	77,72	52,40	30,88
Gompertz	44,07	99,41	2,54	99,96	61,98	58,27
Hill	50,99	78,32	1,42	82,11	66,06	53,11
Janoschek	40,59	97,03	2,94	98,29	62,31	61,56
Logístico	48,30	99,39	2,07	99,96	60,37	58,02
Meloun I	60,37	96,07	1,48	77,68	52,41	30,85
Meloun II	60,45	6,21	1,31	73,29	52,31	30,82
Mitscherlich	60,37	93,12	1,44	77,68	52,40	30,88
MM I	43,91	97,16	2,75	96,56	62,29	59,28
MM II	62,34	97,07	1,40	99,96	76,19	47,03
Richards	75,27	20,29	0,89	47,54	68,76	45,23
Schnute	73,93	86,58	0,85	99,93	60,11	25,90
Von Bert	48,21	98,64	2,11	99,64	61,97	52,91
Weibull	40,65	92,79	2,93	98,13	62,36	61,67
MMF	47,50	30,21	1,20	38,17	59,51	56,19

Tabela 5 – Escores de componentes principais para os avaliadores nos seis componentes principais

		Componentes Principais					
		1	2	3	4	5	6
Fêmeas UFV1		-0,23	0,66	0,60	0,38	0,02	0,02
		0,02	0,00	-0,01	-0,02	0,99	0,12
		0,02	-0,03	-0,02	0,06	-0,12	0,99
		0,95	0,28	-0,01	0,10	-0,01	-0,02
		0,15	-0,24	0,72	-0,64	-0,01	0,04
		0,12	-0,65	0,35	0,66	0,03	-0,05
Machos UFV1		-0,51	0,53	0,52	0,42	0,02	0,03
		0,01	0,01	-0,02	-0,03	-0,02	0,99
		0,03	-0,02	-0,02	0,03	0,99	0,02
		0,76	0,64	0,04	0,06	-0,01	-0,00
		0,13	-0,15	0,74	-0,61	0,03	-0,01
		0,38	-0,53	0,36	0,67	-0,04	0,03
Fêmeas UFV2		-0,20	0,71	0,43	0,52	0,02	0,04
		0,01	-0,00	-0,01	-0,03	0,97	0,24
		0,02	-0,03	-0,02	0,00	-0,24	0,97
		0,94	0,32	-0,12	0,03	-0,01	-0,02
		0,14	-0,05	0,82	-0,55	-0,01	0,01
		0,24	-0,63	0,36	0,65	0,02	-0,01
Machos UFV1		-0,34	0,48	0,58	0,56	-0,00	0,03
		0,01	0,00	-0,01	-0,03	-0,44	0,90
		0,03	-0,02	-0,02	0,04	0,90	0,44
		0,87	0,49	0,03	0,07	-0,01	-0,02
		0,09	-0,12	0,76	-0,63	0,04	0,00
		0,35	-0,72	0,29	0,53	-0,04	-0,00

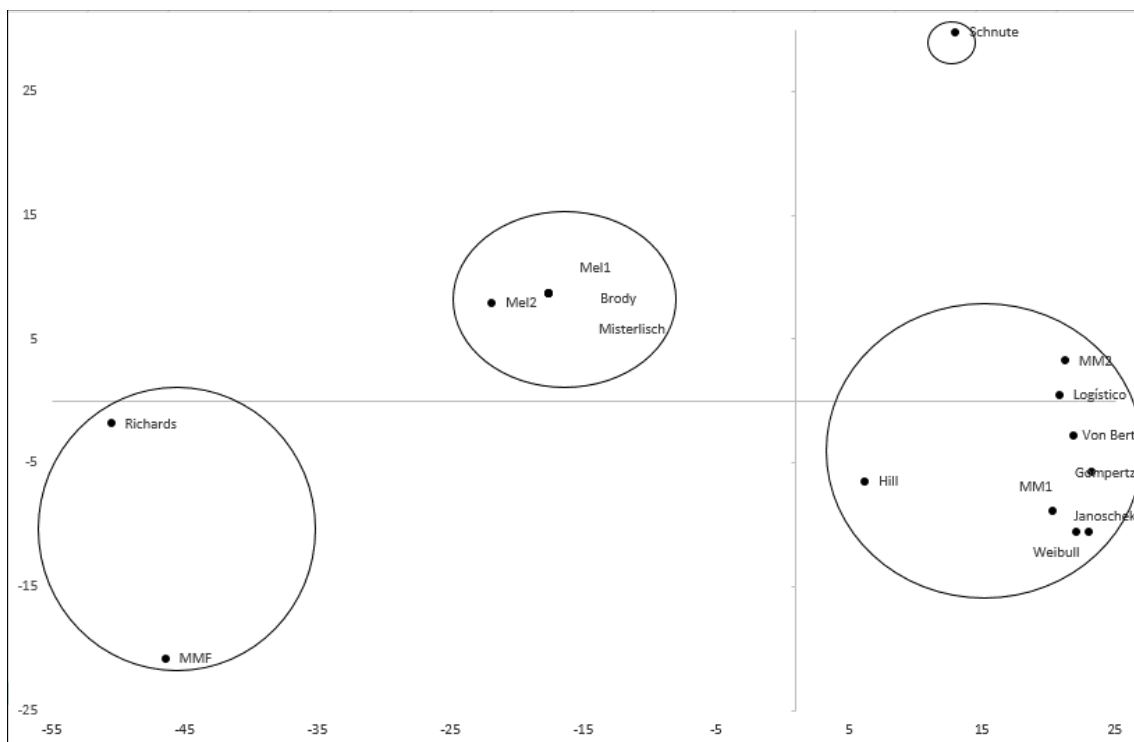


Figura 1 – Dispersão dos modelos não lineares ajustados às fêmeas da linhagem UFV1 em relação ao primeiro e segundo componentes principais.

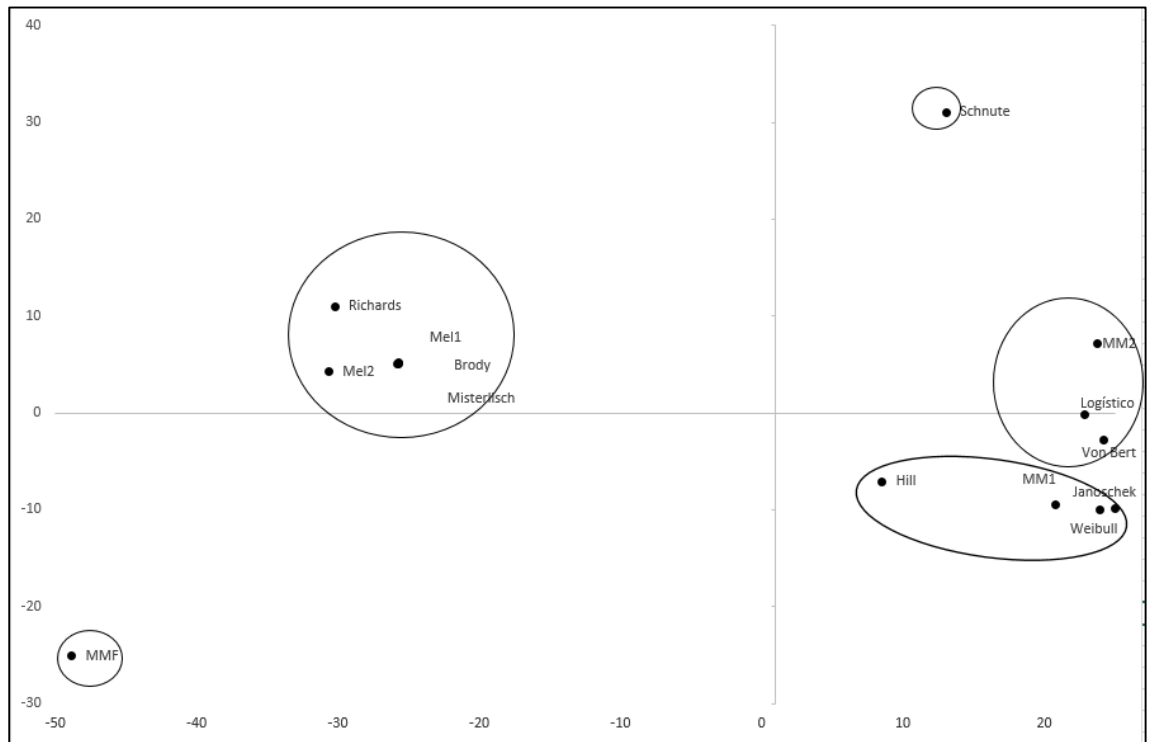


Figura 2 – Dispersão dos modelos não lineares para as fêmeas da linhagem UFV2 em relação ao primeiro e segundo componentes principais.

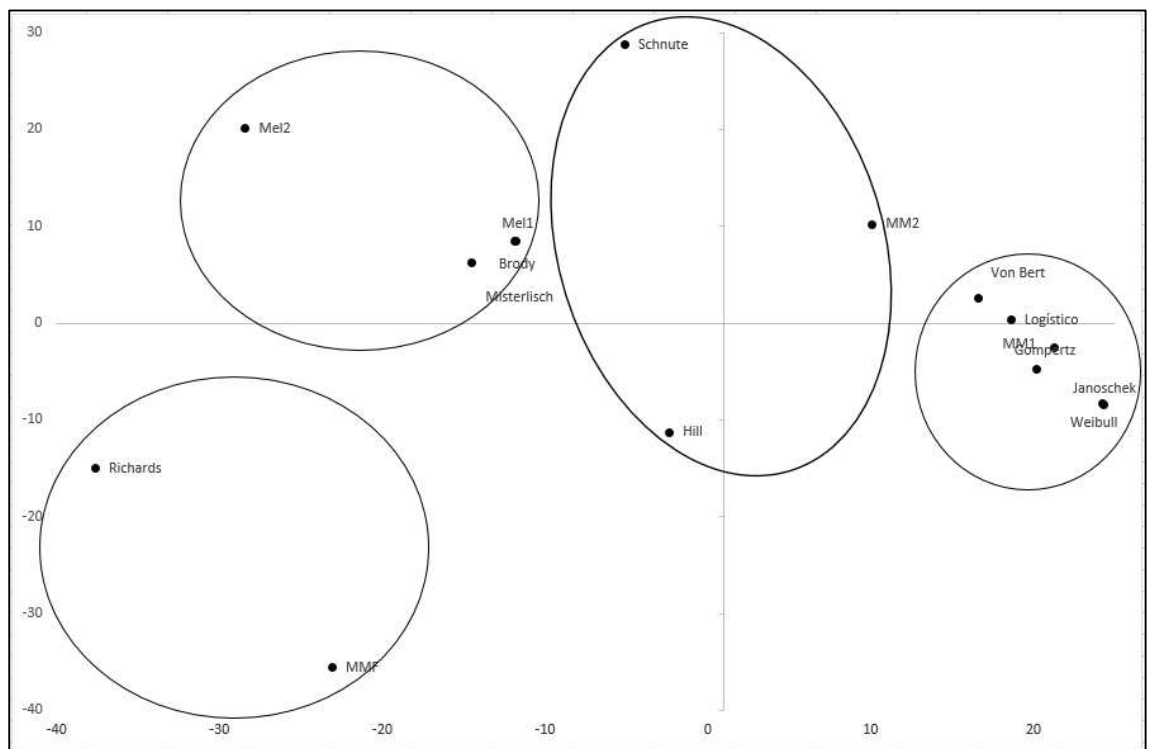


Figura 3 – Dispersão dos modelos não lineares ajustados aos machos da linhagem UFV1 em relação ao primeiro e segundo componentes principais.

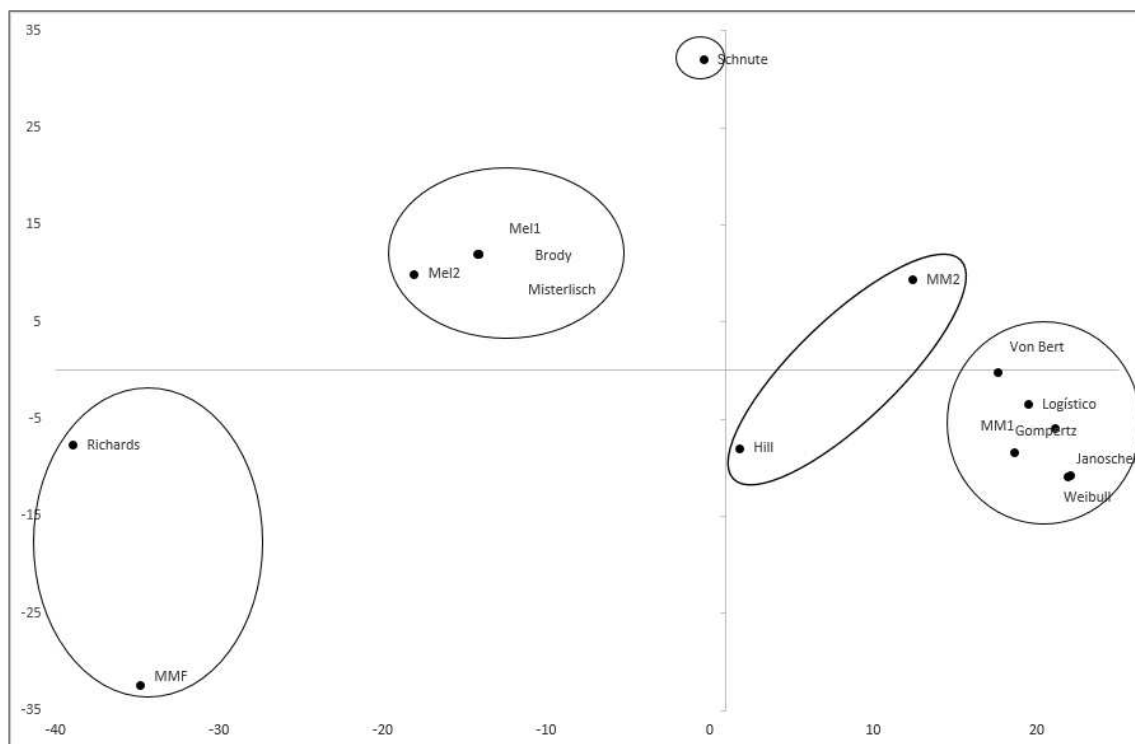


Figura 4 – Dispersão dos modelos não lineares ajustados aos machos da linhagem UFV2 em relação ao primeiro e segundo componentes principais.

DISCUSSÃO

Por meio dos critérios adotados, os modelos foram reunidos em quatro grupos para machos e fêmeas da UFV1 e cinco grupos para machos e fêmeas da UFV2. Sendo o primeiro componente principal influenciado em sua maior parte pela porcentagem de convergência e pelo coeficiente de variação no segundo período analisado. Assim os melhores modelos são aqueles que obtiveram o maior valor positivo para esse componente.

Por outro lado, ainda no primeiro componente principal, existe uma ponderação negativa atribuída ao BIC, que diminui o escore atribuído nesse componente para modelos que apresentam alto BIC. No entanto, no segundo componente principal, nas duas linhagens e ambos os gêneros, o escore atribuído ao BIC foi o de mais alto valor absoluto, sendo sempre positivo e associado a valores negativos de coeficiente de variação no segundo período.

Analisando conjuntamente os dois componentes principais, pode-se estabelecer que os melhores modelos são aqueles que tem valores positivos para o primeiro componente principal e negativo para o segundo.

A estatística de Durbin-Watson, bem como o coeficiente de determinação ajustado foram de pouca importância para explicar diferenças entre modelos, embora possam ser decisivos para determinar o melhor modelo.

Os modelos de Gompertz, Von Bertalanffy e Logístico apresentaram classificação similar. Isso se deve ao fato destes modelos apresentarem a mesma função base, definida por Richards (1959). A diferença entre esses modelos é o ponto de inflexão que são determinados como frações do peso assintótico, tendendo a 1 para Gompertz, sendo 2 para Logístico e 2/3 para Von Bertalanffy. O modelo de Brody, que também pertence a essa família não apresentou bons resultados, possivelmente por atribuir o ponto de inflexão para a idade ao nascimento o que não condiz com a realidade das taxas de crescimento de codornas observadas na literatura, que ocorre entre 13 e 29 dias de idade (MIGNON GRASTEAU & BEAUMONT, 2000).

Por outro lado o modelo de Richards permite maior flexibilidade no ajuste do ponto de inflexão, porém esse melhor ajuste vem adicionado de um parâmetro a ser estimado o que leva a menor taxa de convergência e maior BIC, fatores que na análise causaram baixa classificação para esse modelo.

Da mesma forma, outros modelos com quatro parâmetros como Schnute, Michaelis Menten modificado e Morgan-Mercer-Flodin apresentaram BIC superior. O modelo de Janoschek apresentou o melhor BIC apesar de apresentar maior autocorrelação residual (verificada por meio da estatística Durbin-Watson) e maiores coeficientes de variação. As diferenças entre populações fizeram com que o modelo de Janoschek tivesse agrupamentos diferentes em cada caso.

Fatores como coeficiente de variação e Durbin-Watson apesar de participarem com ponderação menos influente, apresentaram-se decisivos para discriminar os modelos uma vez que em três das quatro situações analisadas o modelo de Schnute foi incluído em um grupo a parte.

A partir dos dados pode-se elencar um grupo de modelos candidatos para uso no ajuste de curvas de crescimento de codornas de corte. Na maioria das populações analisadas os modelos de melhor ajuste foram o de Gompertz, Logístico, Janoschek e Weibull. Esses modelos apresentam como fator comum maior parcimônia entre os índices analisados. Estes modelos já vem sendo amplamente utilizados no ajuste de curvas de crescimento em aves (MIGNON GRASTEAU & BEAUMONT, 2000; TOPAL & BOLUKBASI, 2008; NARINC et al. 2010).

Os modelos de Gompertz e Logístico apresentam como vantagem terem apenas três parâmetros, sendo dois deles de fácil interpretação biológica. Os modelos de Janoschek e Weibull apresentam quatro parâmetros, sendo o parâmetro adicional o que modela o ponto de inflexão. Apesar de ter um parâmetro extra a flexibilidade e facilidade de convergência destes modelos deram vantagem a esses modelos.

Conclusão

Os modelos que agruparam o maior número de parâmetros de qualidade de ajuste foram Weibull, Gompertz, Logístico e Janoschek, sendo estes os mais recomendáveis para ajustes de curvas de crescimento em codornas de corte. Visando maior parcimônia e interpretação de parâmetros o modelo de Gompertz mostra-se o mais adequado entre estes.

Referências Bibliográficas

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transaction on Automatic Control**, v.19, p.716-723, 1974.

BRODY, S. Bioenergetics and Growth. Rheinhold Publishing, New York. 1945.

CHARRAD, Malika et al. NbClust package for determining the number of clusters in a dataset. 2012.

GOMPERTZ, Benjamin. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. **Philosophical transactions of the Royal Society of London**, v. 115, p. 513-583, 1825.

HILL, Archibald Vivian. The combinations of haemoglobin with oxygen and with carbon monoxide. I. **Biochemical journal**, v. 7, n. 5, p. 471, 1913.

JANOSCHEK, A. Das reaktionskinetische Grundgesetz und seine Beziehungen zum Wachstums-und Ertragsgesetz. **Statistische Vierteljahresschrift**, v. 10, p. 25-37, 1957.

JOLICOEUR, PIERRE. A flexible 3-parameter curve for limited or unlimited somatic growth. **Growth**, v. 49, n. 4, p. 271-281, 1985.

LEBART L, MORINEAU A, PIRON M (2000). Statistique exploratoire multidimensionnelle. Dunod, Paris,France. ISBN 2100053515.

LOPEZ, S. et al. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. **Journal of animal science**, v. 78, n. 7, p. 1816-1828, 2000.

MELOUN, M.; MILITKÝ, J. Sbíрка úloh, Statistické zpracování experimentálních dat. Pardubice: Universita Pardubice. 1996.

MICHAELIS, L.; MENTEN, M.L. Die kinetik der invertinwirkung. **Biochemische Zeitschrift**, v.49, 334-336, 1913.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **Productions animales-paris-institut national de la recherche agronomique**, v. 13, n. 5, p. 337-348, 2000.

MITSCHERLICH, E.A. Das Gesetz des Pflanzenwachstums. *Landwirtsch Jahrb* 53: 167-182. 1919.

MORGAN, Paul H.; MERCER, L. Preston; FLODIN, Nestor W. General model for nutritional responses of higher organisms. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 72, n. 11, p. 4327-4331, 1975.

NARINC, Dogan et al. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v. 9, n. 14, p. 1961-1966, 2010.

R Development Core Team (2008). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

REGAZZI, AJ. EST 746 -Análise multivariada. **Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Estatística**, 2009.

RICHARDS, F. J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of experimental Botany**, v. 10, n. 2, p. 290-301, 1959.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.

SCHNUTE, J. A versatile growth model with statistically stable parameters. *Can J Fish Aquat Sci* 38: 1128-1140. 1981.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, Paulo Luiz Souza. Análise de agrupamento na seleção de modelos de regressão não-lineares para curvas de crescimento de ovinos cruzados. **Ciência Rural**, v. 41, n. 4, p. 692-698, 2011.

SOUZA, L.A. et al. Traditional and alternative nonlinear models for estimating the growth of Morada Nova sheep. **R. Bras. Zootec.** Viçosa, v. 42, n. 9, Sept. 2013. Available from

<http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982013000900007&lng=en&nrm=iso>.

Access

on 04 Feb. 2014. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982013000900007>.

TOPAL, M.; BOLUKBASI, Ş. C. Comparison of nonlinear growth curve models in broiler chickens. **Journal of Applied Animal Research**, v. 34, n. 2, p. 149-152, 2008.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. *Q. Rev. Biol.* 32:217–231, 1957.

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, v.58, p.236-244, mar., 1963.

WELLOCK, I. J.; EMMANS, G. C.; KYRIAZAKIS, I. Describing and predicting potential growth in the pig. **Animal science: an international journal of fundamental and applied research**, v. 2004, 2004.

YANG, Richard C.; KOZAK, Antel; SMITH, J. Harry G. The potential of Weibull-type functions as flexible growth curves. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 8, n. 4, p. 424-431, 1978

Capítulo II

Análise genética do crescimento de codornas de corte em diferentes ambientes

nutricionais

RESUMO

Este estudo avaliou um método em duas etapas para o estudo da interação genótipos x ambientes usando o modelo de crescimento de Gompertz. Foram utilizados dados de 2274 codornas de corte de duas linhagens, em dez níveis de proteína bruta (24 a 33% PB), pesadas do nascimento até a sexta semana de idade. O modelo de Gompertz foi ajustado e as estimativas dos parâmetros utilizadas como fenótipo para análise de normas de reação sob modelo animal tendo como gradiente ambiental o nível de proteína na dieta. Além das normas de reação, herdabilidades, correlações genéticas e curvas de crescimento foram projetadas a partir da média de efeitos fixos e valores genéticos foram estimadas

para cada animal. O parâmetro relacionado a peso assintótico foi o mais estável, tanto em normas de reação quanto em herdabilidades e correlações genéticas, porém os parâmetros relacionados às condições iniciais e à taxa de crescimento sofreram forte influência do gradiente nutricional. O ambiente em plantéis sob seleção deve ser similar ao utilizado em escala industrial para minimizar diferenças em relação àquela conseguida pelos trabalhos de melhoramento.

Palavras-chave: Coturnix, Gompertz, interação genótipos x ambientes, norma de reação.

Chapter II

Genetic analysis of meat-type quail growth under different nutritional environments

ABSTRACT

This study evaluated a two-step approach for studying genotype by environment interaction in growth curves. We used data from 2274 quails, from two lines, raised in ten levels of crude protein (24-33% CP), weighed from hatch until six weeks old totalizing up to seven measurements of body weight. The Gompertz model was fitted and the parameters estimates used as phenotype in reaction norm analysis using animal model with level of dietary protein being the environmental gradient. Besides of reaction norms, heritability, genetic correlations and projected growth curves from the mean of fixed effects group and breeding values for each animal were estimated. The parameter related

to asymptotic weight was the most stable in reaction norms, heritability and genetic correlations, but the parameters related to the initial conditions and the slope of growth experienced strong influence of nutritional gradient. The nutritional environment used to breed quails should be similar to that used by the final user in order to minimize the differences from elite stocks.

Keywords: Coturnix, genotype by environment interaction, Gompertz, reaction norm.

INTRODUÇÃO

A seleção em aves tem sido tradicionalmente feita com base no peso corporal em idade fixa, fazendo com que a idade ao abate seja reduzida. Uma desvantagem da seleção para altas taxas de crescimento é o aumento do peso adulto, que exige manejo diferenciado de reprodutores para que não tenham a reprodução comprometida (TAYLOR, 2008).

Curvas de crescimento podem sintetizar em poucos parâmetros toda informação de crescimento de um animal. Esses parâmetros proveem informações úteis para seleção podendo ser utilizados como fenótipo em seleção através de um processo de duas etapas, primeira com a estimação dos parâmetros e depois obtendo valores genéticos para estes.

Apesar do estudo de curvas de crescimento fornecer uma visão ampla sobre o fenômeno, a análise em interação genótipo x ambiente é rara, sendo baseada

principalmente na comparação fenotípica, como nos trabalhos de EISEN (1976) e FITZHUGH JR. (1976).

Os parâmetros genéticos obtidos variam devido à dificuldade de obtenção das medidas e ao número de animais em análise (MIGNON-GRASTEAU & BEAUMONT, 2000). AKBAS & YAYLAK (2000) relatam fatores como sexo, seleção, efeito escala e modelo utilizado como causas de diferenças em parâmetros genéticos de curvas de crescimento.

A mudança de ambiente nutricional pode ser acompanhada de incremento no progresso genético devido ao aumento da variância aditiva no novo ambiente, sendo esta uma estratégia eficiente para a seleção a longo prazo (MARKS, 1979).

Neste trabalho apresenta-se um modelo de duas etapas em que se estimam valores genéticos para parâmetros do modelo de Gompertz em uma primeira etapa e em sequência é projetada a curva de cada animal a fim de comparar sua trajetória de crescimento estimada em cada ambiente, analisando a adaptabilidade de codornas de corte a níveis de proteína na dieta.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados de 2274 codornas de corte (*Coturnix coturnix*), 1270 da linhagem UFV1 e 1004 da UFV2 foram utilizados. As aves nasceram em duas eclosões, tiveram o pedigree anotado e foram identificadas com anel permanente. As aves foram distribuídas em 100 boxes de 1m² com piso de concreto e cama de maravalha em grupos de até 11 aves. Na primeira eclosão foram avaliados cinco níveis de proteína bruta na ração (24, 26, 28, 30 e 32%) e na segunda, outros cinco (25, 27, 29, 31 e 33%). A Tabela 1 apresenta a composição das dietas. Em ambas as eclosões, cada um dos tratamentos teve dez repetições, uma por boxe, em delineamento ao acaso sendo fornecido aquecimento e água

e ração a vontade. Peso corporal individual foi coletado desde a eclosão até a sexta semana de vida, totalizando até sete registros.

Com os dados de peso corporal foram obtidos parâmetros do modelo de Gompertz, por apresentar melhor ajuste e parcimônia para codornas de corte (DRUMOND et al., 2013) e codornas japonesas (BALCIOĞLU et al., 2005; KIZILKAYA et al., 2005), sendo ajustado para cada animal utilizando-se o procedimento MODEL do programa SAS (SAS, 2003).

O modelo de Gompertz apresenta três parâmetros, sendo A uma estimativa do peso assintótico; B é uma constante que não possui interpretação biológica, porém importante para modelar a curva sigmoide. A constante K é a razão da taxa de crescimento máxima em relação ao tamanho adulto, a qual expressa a taxa de redução na taxa de crescimento relativa, em que valores menores indicam crescimento mais rápido (FREITAS, 2005).

Obtidos os parâmetros, utilizou-se o modelo misto em regressão aleatória utilizando normas de reação, como proposto por KOLMODIN et al. (2002), considerando efeitos fixos de sexo e geração/eclosão e tendo como variável independente o nível de proteína na dieta.

O modelo de normas de reação adotado foi:

$$y_{ijkl} = \mu + a_i + b_i X_{ij} + c_i X_{ij}^2 + \text{sexo}_k + \text{ecl}_l + \xi_{ijkl},$$

em que: y_{ijkl} é o valor estimado no modelo de Gompertz, a_i , b_i e c_i são respectivamente os coeficientes do intercepto, linear e quadrático do modelo misto em regressão aleatória sobre os níveis de proteína X; sexo_k e ecl_l são os efeitos fixos de sexo e geração/eclosão respectivamente; e ξ_{ijkl} é o termo de resíduos. Foi assumida a distribuição conjunta para a, b e c, sendo $\theta=[a,b,c]'$,

dado por $\boldsymbol{\theta} \sim N(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma}_{abc} \otimes \mathbf{A})$, em que $\boldsymbol{\Sigma}_{abc} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab} & \sigma_{ac} \\ \sigma_{ab} & \sigma_b^2 & \sigma_{bc} \\ \sigma_{ac} & \sigma_{bc} & \sigma_c^2 \end{bmatrix}$; com indivíduos ordenados

dentro de níveis de proteína, em que: σ_a^2 e σ_b^2 e σ_c^2 são respectivamente as variâncias dos coeficientes de regressão intercepto, linear e quadrático do efeito genético aditivo, σ_{ab} , σ_{bc} e σ_{ac} são, respectivamente, os componentes de covariâncias entre os coeficientes de regressão intercepto e linear, linear e quadrático, e intercepto e quadrático, do efeito genético aditivo; \mathbf{A} é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright. Foi ajustado um modelo de normas de reação, com polinômios de Legendre de ordem três (quadrática) e homogeneidade de variância residual.

Valores genéticos, atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por intermédio do programa WOMBAT (MEYER, 2007), juntamente com estimação de componentes de (co)variância por máxima verossimilhança residual.

O valor genético do animal i no nível de proteína j e as herdabilidades em cada nível foram definidos como: $\hat{u}_{ij} = \mathbf{K}'_j \hat{\boldsymbol{\theta}}_i = \hat{a}_i + \hat{b}_i X_j + \hat{c}_i X_j^2$, sendo $\mathbf{K}'_j = [1 \quad X_j \quad X_j^2]$ e a

herdabilidade no ambiente médio ($X_j=0$) definida por: $h_g^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$, em que X_j é o valor

do nível de proteína bruta, sendo padronizado entre -1 e +1 utilizando polinômios ortogonais de Legendre de grau três.

Os parâmetros da curva de Gompertz para cada nível j de proteína foram estimados pela soma dos valores genéticos (\hat{U}_j) com a média de efeitos fixos ao qual o animal pertence:

$$A_j = \hat{U}_{jA} + \mu_A; \quad B_j = \hat{U}_{jB} + \mu_B; \quad K_j = \hat{U}_{jK} + \mu_K;$$

E a performance predita do animal, segundo a curva de Gompertz, em um tempo j é dada por:

$$\hat{y}_j = (\hat{U}_{j_A} + \mu_A) \exp(-\exp(\hat{U}_{j_B} + \mu_B) - (\hat{U}_{j_K} + \mu_K)t)$$

Foram avaliadas as normas de reação dos três parâmetros do modelo de Gompertz no intervalo analisado, amostrando 15 animais, cinco superiores, cinco medianos e cinco inferiores em valor genéticos ao nível de 24% de proteína bruta na dieta. A trajetória de crescimento foi analisada por gráfico dos valores genéticos dos 24 aos 33% de proteína bruta para animais amostrados aleatoriamente e da curva média destes animais estimada em três níveis: 24, 28,5 e 33%.

RESULTADOS

As normas de reação de 15 animais de cada linhagem, cinco melhores, cinco medianos e cinco piores no nível de 24% de proteína bruta para os três parâmetros da curva de Gompertz, estão representadas na Figura 1. Em geral os valores preditos de produção para o parâmetro A foram estáveis com o nível de proteína, havendo maior amplitude de valores genéticos na linhagem UFV1. Os parâmetros B e K apresentaram-se estáveis à mudança de níveis proteicos nos animais medianos e de baixo valor genético, porém houve maior diferença na norma de reação para animais geneticamente superiores, com valores sendo alterados principalmente em níveis de proteína bruta mais alta na dieta.

As herdabilidades seguiram a tendência das normas de reação, sendo estáveis no parâmetro A e erráticas para B e K, em ambas as linhas, sendo superiores na UFV1 (Tabela 2).

A Figura 2 apresenta as correlações entre os valores genéticos no nível de 24% de proteína bruta e os demais níveis. O parâmetro A é o mais estável à mudança de gradiente nutricional, apresentando correlações superiores a 0,90 entre todos os níveis, em ambas linhagens. Correlações baixas e mesmo negativas foram encontradas entre o nível de 24%

de proteína bruta e os níveis mais altos para os parâmetros B e K, diferindo entre linhagens, sendo os menores valores a partir de 26% na UFV1 e a partir de 30% na UFV2.

A curva de crescimento projetada difere entre animais, dada a sensibilidade de B e K, porém A tende a ser bem similar entre os indivíduos (Figura 2). A Figura 3 apresenta a curva média de indivíduos superiores nos parâmetros nas linhas analisadas usando como critério de seleção os parâmetros A e K, nos níveis de 24, 28,5 e 33% de proteína bruta na dieta.

Discussão

As normas de reação para o parâmetro A da curva de Gompertz foram constantes ao longo dos níveis, demonstrando não haver diferenças na expressão gênica e ordenamento dos indivíduos. Os parâmetros B e K apresentaram maior variabilidade nos valores à medida que se incrementa o nível de proteína.

Felipe et al. (2012) analisando a sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte aos 21 e 35 dias de idade reportaram maior dispersão em valores genéticos em níveis de proteína bruta na dieta superiores, resultado similar ao observado em taxas de crescimento (K) no presente estudo.

Esses resultados podem ser interpretados como sendo uma maior variabilidade do início do crescimento, embora o peso final projetado esteja praticamente inalterado, o que indicaria que, em idades precoces, maiores pesos poderiam ser alcançados em níveis nutricionais adequados. Bonafé (2011) analisando normas de reação das mesmas linhas deste estudo, em pesos aos 21, 35 e 42 dias de idade reportou redução de herdabilidades à medida que a idade avançava.

A sensibilidade do parâmetro K fez com que a média dos animais selecionados para este parâmetro nas duas linhagens fosse divergente, com diferentes ordenamentos quanto ao nível utilizado. Porém praticamente o mesmo peso final é atingido. A diferença

de peso entre níveis é constante ao longo da curva, sendo que a diferença relativa é maior em idades precoces.

As herdabilidades estimadas para A são similares às de peso adulto, que variaram de 0,30 a 0,68 (BAUMGARTNER,1994; VALI et al, 2005) embora estas sejam parcialmente distintas, dado que o peso assintótico se dá em teoria quando a idade tende a infinito e os pesos adultos são coletados a partir dos 42 dias de idade.

Narinc et al. (2010) relata que parâmetro B é altamente correlacionado com os pesos do nascimento à segunda semana, devido a associação com condições iniciais e que podem afetar a idade ao abate (LASKEY & EDENS, 1984).

As diferenças no parâmetro K, resultam em animais com pesos assintóticos similares e diferentes taxas de crescimento. Assim é possível ter abate precoce sem afetar o peso adulto, o que causaria problemas de fertilidade em reprodutores. Isto, associado à maior diferença dos pesos em diferentes níveis, reforça a necessidade de uma idade ao abate precoce.

O uso de níveis proteicos diferentes do utilizado em seleção pode não resultar em transmissão do potencial gerado pelo trabalho de melhoramento e modificar a forma da curva de crescimento devido à influência da interação genótipo x ambientes nos seus parâmetros.

CONCLUSÃO

A partir de análises de normas de reação é possível identificar animais com potencial de crescimento, mantendo o peso maduro por meio de seleção e identificar a presença de interação genótipos x ambientes ao longo da sua trajetória de crescimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAS, Y.; YAYLAK, E. Heritability estimates of growth curve parameters and genetic correlations between the growth curve parameters and weights at different age of

Japanese quail. **Archive für Geflügelkunde**. v.64, n.4, p.141-146. 2000. Disponível em: <<http://www.cabdirect.org/abstracts/20000109513.html;jsessionid=1EF806F6EE13B69FC01581BE58104003>>. Acesso em 5 out 2013.

BALCIOĞLU, M.S. et al. Analysis of growth characteristics in short-term divergently selected Japanese quail. **South African Journal of Animal Science**, v.35, n.2, p.83-89, 2005. Disponível em: <<http://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/4042>> Acesso em 18 set 2013. doi: 10.4314%2Fsajas.v35i2.4042.

BAUMGARTNER, J. et al. Japanese quail production, breeding and genetics. **World's Poultry Science Journal**, v. 50, n. 3, p. 227-235, 1994 Disponível em <<http://journals.cambridge.org/action/displayAbstract?fromPage=online&aid=622772>>. Acesso em 03 jan 2014.

BONAFÉ, C.M. 2012. Sensibilidade de valores genéticos às modificações de níveis de proteína das dietas e avaliação de carcaça de codornas de corte em crescimento. 2011. 63f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa.

DRUMOND, E.S. et al. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013. Disponível em <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v43n10/a29713cr6551.pdf>> Acesso em 05 jan 2014. doi: 10.1590/S0103-84782013001100032.

EISEN, E. J. 1976. Results of growth curve analyses in mice and rats. **Journal of Animal Science**. n.42 p.1008-1023. Disponível em <<http://www.journalofanimalscience.org/content/42/4/1008.full.pdf>>. Acesso em 18 set 2013.

FELIPE, V.P.S. et al. 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 [online]. 2012, v.64, n.4 p.991-1000. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/abmvz/v64n4/v64n4a28.pdf> Acesso em 15 set 2013. doi: 10.1590/S0102-09352012000400028

FITZHUGH JR., A., 1976 Analysis of growth curves and strategies for altering their shapes. **Journal of Animal Science**. v.33 p.1036-1051. Disponível em <http://www.journalofanimalscience.org/content/42/4/1036.full.pdf> Acesso em 20 set 2013.

FREITAS, A R. Curvas de crescimento na produção animal. **R. Bras. Zootec**, v. 34, n. 3, p. 786-795, 2005. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35982005000300010&script=sci_arttext. Acesso em 02 jan 2014. doi: 10.1590/S1516-35982005000300010 .

KIZILKAYA, K.et al. Growth curve analysis using nonlinear mixed model in divergently selected Japanese quails. **Archive für Geflügelkunde**, v.70, n.4, p.181-186, 2006. Disponível em: http://www.european-poultry-science.com/Artikel.dll/m05-08mk_NDE0MzA5Mw.PDF?UID=1646CC744E40FA895AC39D3AD4C948246E5F6F57C0EF3A1D> Acesso em 10 set 2013.

KOLMODIN, R. 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. Disponível em: <http://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/09064700252806380#preview> Acesso em 20 set 2013. doi:10.1080/09064700252806380.

LASKEY, JW; EDENS, FW. Hatch weight selection: effect on post-hatch growth in the Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Phisiology**. v.82 n.1 p.101-104. 1985. Disponível em:

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/030096298590711X>> Acesso em 10 set 2013. doi: 10.1016/0300-9629(85)90711-X.

MARKS, H. L. 1979. Changes in unselected traits accompanying long-term selection for four-week body weight in Japanese quail. **Poultry Science** 58:269-274. Disponível em: <http://ps.fass.org/content/58/2/269.full.pdf+html>> Acesso em 18 set 2013. doi: 10.3382/ps.0580269.

MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**. n.8 p.815–821, 2007. Disponível em: <http://link.springer.com/article/10.1631%2Fjzus.2007.B0815>>. Acesso em 20 set 2013. doi: 10.1631/jzus.2007.B0815.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **INRA Productions Animales**, n.13, p.337-348. 2000. Disponível em http://www6.inra.fr/productions-animales/content/download/4067/41906/version/1/file/Prod_Anim_2000_13_5_05.pdf>. Acesso em 14 set 2013.

NARINC, D. et al. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010. Disponível em: <http://www.medwelljournals.com/fulltext/?doi=javaa.2010.1961.1966>> Acesso em 23 set 2013. doi: 10.3923/javaa.2010.1961.1966.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003

TAYLOR, ST C.S. 2008. Genetic Size-scaling. In: **Resource allocation theory applied to farm animal production** edited by Wendy M. Rauw. CABI, Oxfordshire, UK.

VALI, N. The Japanese quail: A review. **Interanational Journal of Poultry Science** v.7, n. 9, p. 925-931, 2008. Disponível em <http://www.pjbs.org/ijps/fin1218.pdf>

Acesso em 18 set 2013.

TABELA 1: Composição das dietas experimentais de codornas alimentadas com dietas únicas do nascimento aos 42 dias de idade

Nível de Proteína Bruta										
Ingredientes	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
Milho	51,78	48,38	44,97	41,56	38,16	34,75	31,34	27,94	24,53	21,12
Farelo de Soja	43,52	46,35	49,17	52,00	54,83	57,66	60,48	63,31	66,14	68,97
Óleo Vegetal	1,74	2,31	2,87	3,44	4,01	4,58	5,14	5,71	6,28	6,85
Calcário	1,05	1,05	1,04	1,03	1,03	1,02	1,01	1,01	1,00	0,99
Fosfato bicálcico	0,92	0,91	0,90	0,88	0,87	0,86	0,84	0,83	0,82	0,81
Sal	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36	0,36
DL-metionina	0,30	0,33	0,36	0,40	0,43	0,46	0,49	0,52	0,55	0,58
Cloreto de colina	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Mist. Mineral	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07
Mist. Vitamínica	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Antioxidante	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Avilamicina 10%	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
Coccidiostático	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10
Total	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
Composição calculada										
PB (%)	24,18	25,20	26,22	27,23	28,25	29,27	30,29	31,31	32,33	33,35
EM (Kcal/Kg)	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900	2900
Cálcio (%)	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75
Fósforo Disp. (%)	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29	0,29
Lisina Dig. (%)	1,22	1,28	1,35	1,41	1,48	1,54	1,61	1,67	1,74	1,80
Met+Cis Dig. (%)	0,95	1,00	1,05	1,10	1,15	1,20	1,25	1,31	1,36	1,41
Treonina Dig. (%)	0,82	0,86	0,89	0,93	0,96	1,00	1,03	1,07	1,11	1,14
Triptofano Dig. (%)	0,28	0,29	0,30	0,32	0,33	0,34	0,36	0,37	0,39	0,40
Relação de aminoácidos/lisina										
Met+Cis Dig.	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78	0,78
Treonina Dig. (%)	0,68	0,67	0,66	0,66	0,65	0,65	0,64	0,64	0,64	0,63
Triptofano Dig. (%)	0,23	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22	0,22

TABELA 2: Herdabilidades dos parâmetros A, B e K da curva de Gompertz em 10 níveis proteicos para as linhagens UFV1 e UFV2

Nível de Proteína	Linhagem UFV1			Linhagem UFV2		
	A	B	K	A	B	K
24	0,408	0,408	0,330	0,073	0,039	0,106
25	0,459	0,459	0,038	0,110	0,072	0,071
26	0,503	0,503	0,156	0,141	0,098	0,048
27	0,536	0,536	0,286	0,163	0,103	0,032
28	0,557	0,557	0,294	0,176	0,088	0,030
29	0,565	0,565	0,178	0,178	0,063	0,061
30	0,563	0,563	0,043	0,171	0,055	0,147
31	0,551	0,551	0,285	0,157	0,105	0,287
32	0,529	0,529	0,670	0,139	0,235	0,451

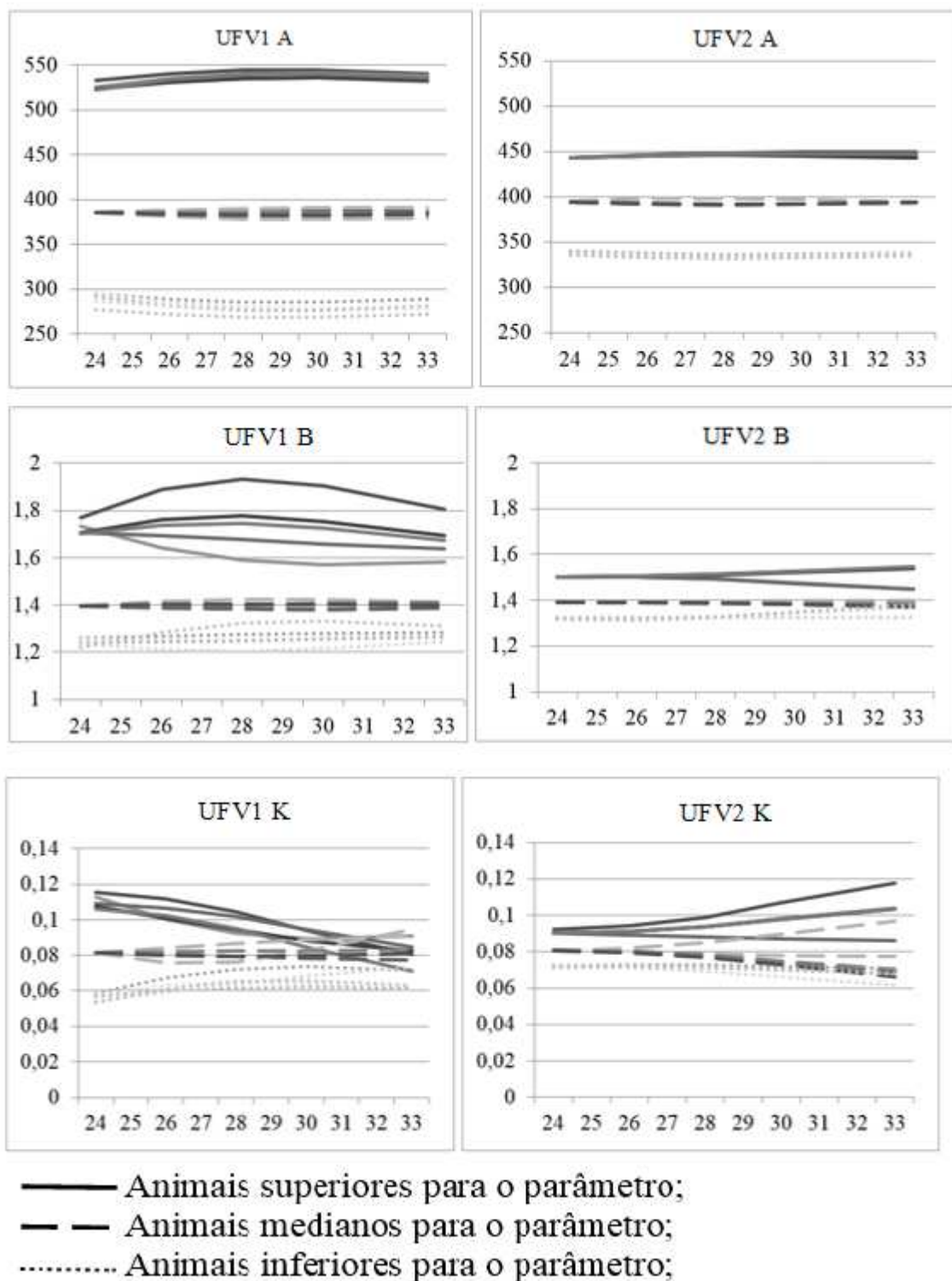


Figura 1. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 15 indivíduos, respectivamente para os parâmetros A, B e K das linhagens UFV1 e UFV2.

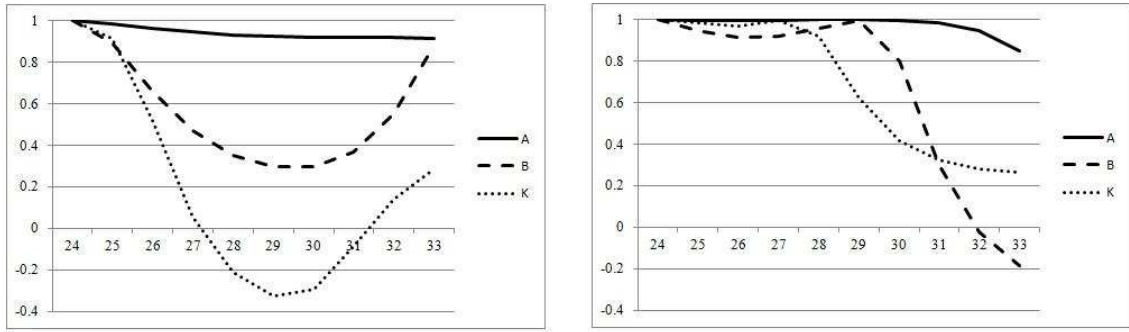


Figura 2. Correlações genéticas entre os diferentes níveis nutricionais para as populações UFV1 e UFV2.

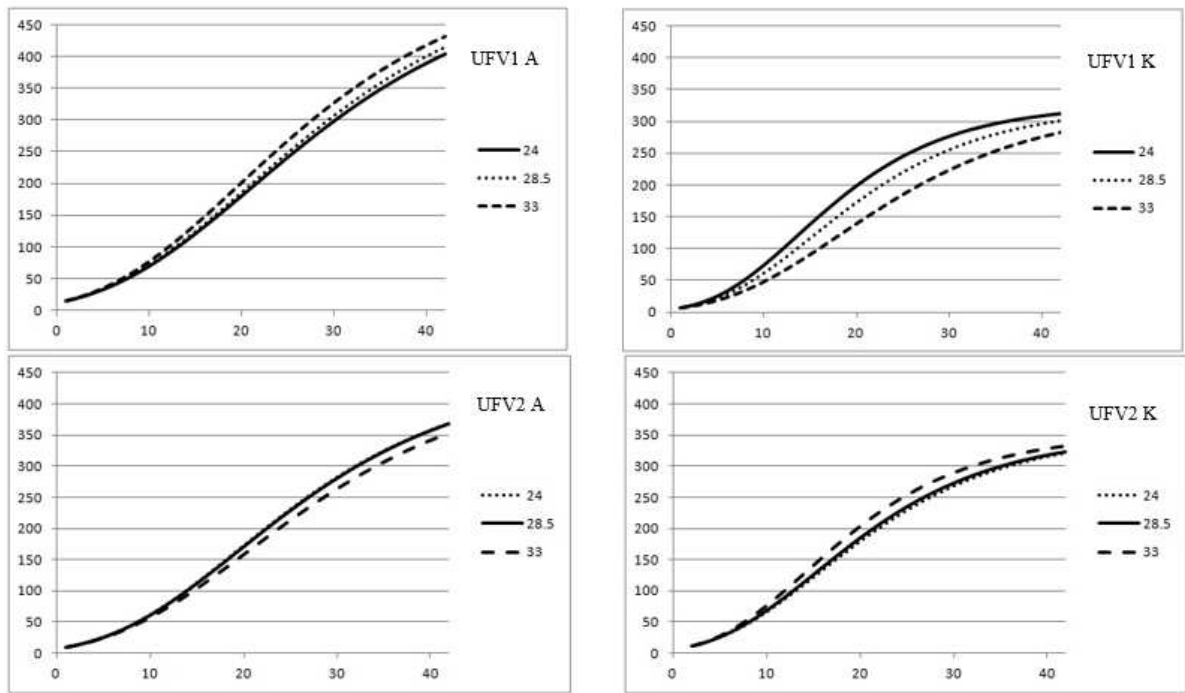


Figura 3. Curvas de crescimento projetadas da média dos cinco melhores animais das linhagens UFV1 e UFV2 quando selecionadas para os parâmetros A e K do modelo de Gompertz.