

LUCIANO PINHEIRO DA SILVA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO EM  
ESQUEMAS ALTERNATIVOS DE PESAGENS E  
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE  
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM CODORNAS  
DE CORTE**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2010

LUCIANO PINHEIRO DA SILVA

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO EM ESQUEMAS  
ALTERNATIVOS DE PESAGENS E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS  
GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS EM CODORNAS  
DE CORTE**

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

APROVADA: 22 de julho de 2010

---

Prof. Fabyano Fonseca e Silva  
(Coorientador)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides  
(Coorientador)

---

Prof. Sérgio Luiz de Toledo Barreto

---

Prof. Gustavo Henrique de Souza

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Orientador)

*“Quando a ilusão te fizer sentir o peso do próprio sentimento, como sendo excessivo e injusto, recorda que não segues sozinho no grande roteiro.*

*Cada qual tolera a carga que lhe é própria.  
Fardos existem de todos os tamanhos e de todos os feitios.*

*A responsabilidade do legislador.*

*A tortura do sacerdote.*

*A expectativa do coração materno.*

*A indignância do enfermo desamparado.*

*O pavor da criança sem ninguém.*

*As chagas do corpo abatido.*

*Aprende a entender o serviço e a luta dos semelhantes para que te não suponhas vítima ou herói num campo onde todos somos irmãos uns dos outros, mutuamente identificados pelas mesmas dificuldades, pelas mesmas dores e pelos mesmos sonhos.*

*Suporta o fardo de tuas obrigações valorosamente e caminha.*

*Do acervo de pedra bruta nasce o ouro puro.*

*Do cascalho pesado emerge o diamante.*

*Do fardo que transportamos de boa vontade procedem as lições de que necessitamos para a vida maior.”*

Francisco Cândido Xavier

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 e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Robledo de Almeida Torres pela orientação, pelo convívio, pelo incentivo, pelos conselhos e ensinamentos desde a época da graduação.

Ao professor Sérgio Barreto pela ajuda na área de coturnicultura.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides pelos ensinamentos e pela companhia.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva pelo auxílio na execução das análises e contribuição para a elaboração do trabalho.

Ao professor Gustavo Souza pela disponibilidade em participar da banca.

Aos professores Paulo Sávio Lopes e Adair José Regazzi pelo aprendizado nas disciplinas ministradas e pelas valorosas discussões.

Aos amigos que me suportaram no dia-a-dia de disciplinas e experimentos: Carla, Cristina, Felipe, Henrique, Jeferson, Joahsy, Mariele, Renata, Rodrigo e outros tantos que contribuíram para meu aprendizado e tiveram paciência ao lidar comigo, mesmo nos momentos mais difíceis.

Aos amigos que permaneceram em Viçosa e muito me deram força: Carlota, Geraldo, Jaqueline, Jociara e Vitor e àqueles que não permaneceram, mas continuam em amizade.

Ao “quarteto”: André Paiva, Marcos Yamaki, Rafael Bastos e Rodrigo Fortes que me integraram a essa grande família e me proporcionaram essa oportunidade.

Aos estagiários, aos quais sem eles o trabalho seria inviável: Abreu (Victor), Aline, Giovani, Helmut e outros tantos que contribuíram para o sucesso do programa.

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 que deu início ao 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, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

## ÍNDICE

RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	viii
Introdução Geral.....	1
Objetivos.....	5
Referências Bibliográficas .....	6

### CAPÍTULO I

#### **Correlações entre características de peso corporal e produção de ovos em codornas de corte**

RESUMO.....	10
ABSTRACT.....	11
Introdução.....	12
Material e métodos.....	13
Resultados e discussão.....	15
Conclusão.....	20
Referências Bibliográficas.....	21

### CAPÍTULO II

#### **Avaliação de esquemas alternativos de pesagens utilizando-se regressão aleatória**

RESUMO.....	25
ABSTRACT.....	27
Introdução.....	28
Material e métodos.....	30
Resultados e discussão.....	33
Conclusão.....	39
Referências Bibliográficas.....	40

CONCLUSÕES GERAIS.....	42
------------------------	----

## RESUMO

SILVA, Luciano Pinheiro, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Julho de 2010. **Avaliação genética do crescimento em esquemas alternativos de pesagens e estimação de parâmetros genéticos de características produtivas em codornas de corte.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva e Ricardo Frederico Euclides.

Em um primeiro estudo foram utilizados dados de 8.759 e 9.128 codornas de corte, respectivamente das populações UFV-1 e UFV-2, pertencentes ao Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa para identificar e quantificar a relação entre pesos corporais e características produtivas em codornas de corte. Os pesos corporais, medidos do nascimento até a sexta semana de vida, foram utilizados juntamente com informações de número de ovos totais produzidos, peso médio e gravidade específica destes ovos em uma análise multicaracterística para estimação de herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas. De acordo com os resultados a seleção baseada em pesos corporais na fase de crescimento deve ser feita preferencialmente em idades precoces para que haja menor efeito sobre a produção e qualidade de ovos. Em um segundo estudo comparou-se a eficiência de esquemas de coleta de dados com informações reduzidas utilizando-se modelos de regressão aleatória, sendo o esquema completo constituído de sete registros e nove esquemas alternativos com quatro registros cada. Esquemas que apresentaram maior número de registros no extremo final da curva apresentaram alta correlação e baixo viés quando se comparou os valores genéticos estimados com o modelo com todos os registros, sendo viável a redução no número de registros de pesos corporais de codornas de corte do nascimento à sexta semana de vida para a predição de valores genéticos utilizando modelos de regressão aleatória



## ABSTRACT

SILVA, Luciano Pinheiro, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2010. **Genetic evaluation of growth in alternative schemes of weighing and estimation of genetic parameters of production traits in meat-type quails.** Advisor: Robledo de Almeida Torres. Co-advisors: Fabyano Fonseca e Silva and Ricardo Frederico Euclides

A first study was performed using data from 8,759 and 9,128 meat-type quails, populations (UFV-1 and UFV-2, respectively) of the Poultry Breeding Program, at Universidade Federal de Viçosa, to identify and quantify the relationship between body weight and production traits in meat-type quails. The body weights, measured from birth until six weeks old, were used together with information on total number of eggs produced, average weight and specific gravity of the eggs in a multitrait analyses to estimate heritabilities and genetic and phenotypic correlations. According to the results, the selection based on body weight during the growth phase should preferably be made in early ages, so there is less effect on egg production and quality. In a second study, it was compared the efficiency of data collection schemes with reduced information using random regression models, being the complete scheme consisting of seven records and nine alternative schemes with four records each. Schemes with the highest number of records in the far end of the curve showed a high correlation and low bias when comparing estimated breeding values with the model with all the records, which suggests the reduction in the number of records of body weight of meat-type quails from birth to the sixth week of life to predict breeding values using random regression models.

## INTRODUÇÃO GERAL

O crescimento corporal tem sido considerado uma característica prioritária para a indústria avícola de corte (LEDUR et al., 1992) e é recomendável a sua mensuração em programas de melhoramento, juntamente com outras características de desempenho, pois apresenta grande influência na explicação da variação total das características produtivas em codornas de corte (LEITE et al., 2009). Normalmente as avaliações genéticas do crescimento em codornas têm sido realizadas em idades padrão, como em pesagens semanais, ou mais comumente às quatro semanas de idade ou no ganho de peso até essa idade (VALI, 2008).

O padrão inicial de desenvolvimento afeta todo o crescimento de codornas e influencia na expressão de outras características (COLLINS e ABPLANALP, 1968). Características de peso têm correlação com o desempenho produtivo do animal (TEIXEIRA, 2009), sendo necessária a identificação de pontos específicos do crescimento que apresentem maior influência .

Além do número de ovos produzidos em determinado intervalo de tempo outras características têm importância na produção de ovos de matrizes por interferirem na produção de codorninhas.

Um fator de grande interesse é a qualidade externa dos ovos, que pode ser avaliada por métodos diretos, como espessura da casca, porcentagem da casca, resistência da casca e peso da casca por unidade de superfície de área, forma e superfície do ovo (KODAIRA, 2010). Porém, quando se trata de ovos de codorna, esses métodos são de difícil execução, sendo a determinação indireta, por imersão de ovos em solução salina para determinação da gravidade específica mais apropriado por apresentar correlação de moderada a alta com as características mensuradas diretamente (SEZER, 2007).

Populações selecionadas para maior peso corporal têm como resposta correlacionada maior peso dos ovos produzidos, sendo sido constatadas diferenças significativas entre linhagens para essa característica (MINVIELLE, 2007).

A escolha do intervalo entre medidas a serem tomadas deve ser criteriosa. Se for muito pequeno o efeito do fator na resposta, pode sofrer grande influência do erro experimental, em contrapartida, se for muito amplo a relação entre fator e resposta, pode se tornar muito complicada de se explicar com um modelo simples (ATKINSON et al., 2007).

Características que podem ser mensuradas várias vezes durante a vida de um animal são consideradas como dados longitudinais, a exemplo do peso corporal, produção de leite, ingestão de alimentos e produção de ovos.

Segundo Schaeffer (1997) essas características têm caráter contínuo e, biologicamente, poderiam ser explicadas por diferentes genes que se expressam ao longo da vida do animal, causando alterações fisiológicas e no desempenho do indivíduo.

Dados longitudinais podem ser analisados de diversas formas. Uma delas seria o modelo de repetibilidade, que assume que as medidas possuem correlação igual a um, o que significa, em outras palavras, que os mesmos genes atuam em todas as idades do animal, o que, para codornas de corte, parece não ser real, uma vez que apresentam uma velocidade de crescimento inicial acentuada (BONAFÉ et al., 2007), o que pode sugerir diferenças na expressão gênica entre idades.

Uma alternativa seria a análise através de modelos não-lineares, ajustando curvas para indivíduos de uma população e determinando parâmetros para cada animal fazendo-se a seleção baseada nesses parâmetros (BRACCINI NETO, 1993). Entretanto nesse método geralmente não se tem considerado o parentesco entre os animais na etapa de estimação de parâmetros da curva e animais com um ou poucos registros são desconsiderados da análise (SARMENTO, 2007). Além disso, ao ajustar uma curva os dados têm erros correlacionados e isto não tem sido considerado neste método. Assim, uma possível solução para este problema seria a utilização da inferência bayesiana considerando um modelo hierárquico em vários estágios. Essa metodologia contempla a estimação simultânea dos parâmetros e dos fatores genéticos e ambientais que atuam sobre eles, havendo, assim, uma correção

instantânea para esses fatores, devido às atualizações realizadas no processo iterativo (GUEDES et al., 2005; SILVA et al., 2008).

Existem ainda modelos multicaracterísticas (ou de dimensão finita). Nesses modelos assume-se que cada medida nas várias idades é uma característica diferente. No modelo multicaracterística as covariâncias entre as medidas nas diferentes idades variam e as correlações podem ser diferentes da unidade, ou seja, as correlações são levadas em consideração na análise, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias.

Mais recentemente aparecem os modelos de regressão aleatória ou modelos de dimensão infinita. Os modelos de regressão aleatória utilizados nas avaliações genéticas de animais empregam frequentemente funções lineares contínuas para descrever tanto os efeitos fixos como os aleatórios. Os valores genéticos são estimados por funções contínuas dos desvios de cada animal (tomados como aleatórios) em relação a uma curva média (tomada como efeitos fixos).

Estes modelos têm como vantagem permitir a utilização de dados de animais com apenas uma observação (SCHAEFFER e DEKKERS, 1994); abranger todo intervalo contínuo em que as medidas foram tomadas, permitindo prever o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (KIRKPATRICK e HECKMAN, 1989); permitir a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o relacionamento existente entre os animais; utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários em idades consideradas como padrão (MEYER e HILL, 1997); permitir estimação de um menor número de parâmetros, principalmente quando se objetiva obter parâmetros genéticos entre várias características analisadas simultaneamente (VEERKAMP e GODDARD, 1998; POOL e MEUWISSEN, 1999) e os efeitos de ambiente peculiares a cada pesagem podem ser analisados (JAMROZIK et al., 1999).

Em codornas de corte essa metodologia já vem sendo utilizada experimentalmente. Akbaş et al. (2004) utilizando pesagens semanais do nascimento até a sexta semana para estimar parâmetros genéticos em

codornas concluíram que polinômios ortogonais de Legendre de sexta ordem foram os mais adequados para modelar as (co)variâncias genética aditiva, fenotípica e de ambiente permanente.

Dionello et al. (2008) trabalhando com modelos de regressão aleatória para peso do nascimento até a sexta semana, também em codornas de corte, verificaram diferenças entre linhagens quanto a trajetória genética, indicando que a resposta à seleção pode ser diferenciada entre as linhagens em diferentes idades.

Bonafé (2008) verificou que há necessidade de considerar a heterogeneidade de variância residual e de se escolher uma ordem de ajuste adequada a cada efeito aleatório para modelar as variâncias associadas à curva de crescimento de codornas de corte utilizando-se de pesagens semanais do nascimento até a sexta semana de vida.

Essas avaliações, para obtenção de maior informação, precisam ser feitas com informações obtidas com certa frequência, tornando o processo oneroso, necessitando de tempo, recursos humanos e financeiros tanto na sua obtenção como da sua análise, então faz-se necessária a avaliação da eficiência de esquemas alternativos de pesagens com informações reduzidas.

Toral (2008), trabalhando com dados simulados, utilizando o modelo não-linear de Richards, verificou que o número e o intervalo de pesagens influenciam nas estimativas dos parâmetros da curva, sendo que essas estimativas se aproximam dos valores paramétricos à medida que se diminui o intervalo e aumenta o período de pesagens.

Menezes et al. (2009) avaliaram esquemas alternativos de controle leiteiro em caprinos e sua influência na classificação dos animais sob avaliação genética e concluíram que intervalos de até três semanas não alteraram a classificação e que intervalos superiores a este poderiam ser usados sob a pena de se cometer pequenos erros na seleção e descarte de animais, embora isso pudesse ser compensado pela redução de custos.

Nobre (2001) trabalhando com crescimento de bovinos nelore, utilizando um conjunto com dados perdidos e outro com dados completos,

verificou que houve diferença entre as estimativas de parâmetros, aumentando a variância em idades tardias chegando a gerar valores irreais para o conjunto com dados perdidos. Entretanto, medidas tardias são menos representativas do animal, sendo sujeitas a efeitos de seleção dos animais em idades anteriores e de ambiente acumulados. Conseqüentemente pode ser preferível reduzir a ênfase nos extremos da curva de crescimento. O autor conclui que as medidas podem ser tomadas em apenas três idades para seleção (90, 240 e 420 dias) e que o modelo de regressão aleatória é adequado para tomar medidas em um intervalo maior, resultando em menor custo de obtenção de informação.

Nem sempre um aumento no número de parâmetros no modelo melhora a qualidade do método, pois estes modelos normalmente buscam passar pelos pontos que são medidos, causando uma estimação irreal das informações perdidas (POOL E MEUWISSEN, 1999), sendo necessários critérios que avaliem adequadamente a qualidade do modelo.

Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho em um primeiro capítulo estimar correlações entre a característica peso às diferentes idades e outras características produtivas em codornas de corte e, no segundo capítulo, avaliar esquemas alternativos de controle de pesagens dos animais, por meio de regressão aleatória, de modo que tenham menor alteração dos resultados das avaliações genéticas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ATKINSON, A.C.; DONEV, A.N.; TOBIAS, R.D. **Optimum experimental designs, with SAS**. 1. ed. Oxford: Oxford University Press, 2007. 527p.

BONAFÉ, C.M.; MENEZES, G.R.O.; SARMENTO, J.L.R. et al. Estudo da curva de crescimento de codornas de corte. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 3., 2007, Lavras. **Anais...** Lavras, 2007, p.231.

BONAFÉ, C.M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 49p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, 2008.

BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura**. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 1993. 102p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Pelotas, 1993.

COLLINS, W. M.; ABPLANALP, H. Changes in body and organ weights of Japanese quail selected for 6-wk body weight. **British Poultry Science**, v.9, p.231-242, 1968.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Estimativas da trajetória genética de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária Zootecnia**, v.60, n.2, p.454-460, 2008.

GUEDES, M.H.P.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. et al. Análise Bayesiana da curva de crescimento de cordeiros da raça Santa Inês. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária Zootecnia**, v.57, p.415-417, 2005.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R.; DEKKERS, J. C. M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, n.6, p.1217-1226, 1999.

KODAIRA, V. Fatores que afetam a qualidade dos ovos. In: **VII Curso de atualização em avicultura para postura comercial**. p.23-36. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2010.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, n.2, p.429-450, 1989.

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

LEITE, C.D.S.; CORRÊA, G.S.S.; BARBOSA, L. et al. Avaliação de características de desempenho e de carcaça de codornas de corte por meio da análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.61, n.2, p.498-503, 2009.

MENEZES, G.R.O.; BRITO, L.F; SILVA, F.G; et al. Avaliação genética de cabras da raça Saanen para produção de leite até 270 dias usando intervalos alternativos de controle leiteiro. 46<sup>a</sup> Reunião da Sociedade Brasileira de Zootecnia, **Anais...**, 2009.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, n.3 p.185-200, 1997.

MINVIELLE, F.; MONVOISIN, J.L.; COSTA, J. et al. Long-term egg production and heterosis in quail lines after within line or reciprocal recurrent selection for high early egg production. **British Poultry Science**, v.41, n.2, p.150-157, 2000.



NOBRE, P.R.C. **Analyses of sequential weights of nellore cattle using multiple trait and random regression models.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 137p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, 2001.

POOL, M.H.; MEUWISSEN, T.H.E. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day model. **Journal of Dairy Science**, v.82, n.7, p.1555-1564, 1999.

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

SCHAEFFER L.R. **Random regression in animal breeding. Course notes.** Guelph: University of Guelph, 58p. 1997.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In: **Proceedings 5th world congress genetic applied livestock production.** Guelph, ON, Canada, p.443-446, 1994.

SEZER, M. Heritability of exterior egg quality traits in Japanese quail. **Journal of Applied Biological Sciences.** v.1, n.2, p.37-40, 2007.

SILVA, N.A.M.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. et al. Aplicação do método bayesiano na estimação de curvas de crescimento de animais da raça Nelore. **Revista Ceres**, v.54, p.192-199, 2008b.

TEIXEIRA, R.B. **Avaliação genética de matrizes de codornas de corte por regressão aleatória.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. 52p. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2009.

TORAL, F.L.B. Número e intervalo de pesagens para estimação de parâmetros de curvas de crescimento em bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.12, p.2120-2128, 2008.

VALI, N. The Japanese quail: a review. **International Journal of Poultry Science**, v. 7, n.9, p.925-931, 2008.

VEERKAMP, R.F.; GODDARD, M.E. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yields. **Journal Dairy Science**, v.81, n.6, p. 1690-1701. 1998.

## Capítulo I

### **Correlações entre características de peso corporal e produção de ovos em codornas de corte**

#### **RESUMO**

Objetivando-se estimar correlações genéticas e ambientais e herdabilidades, foram utilizados dados de 8.759 codornas de corte da população UFV-1 e 9.128 da população UFV-2, pertencentes ao Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, medidas semanalmente do nascimento até a sexta semana de vida, com um total de sete características de peso corporal e posteriormente, somente fêmeas, acompanhadas em sua fase de produção de ovos, onde foram medidos o número total de ovos, peso médio dos ovos produzidos e gravidade específica média dos ovos. Foi realizada análise multicaracterística com as dez características medidas para estimação de herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas. Para as características de peso corporal foram estimadas herdabilidades variando de 0,25 a 0,53 para UFV-1 e de 0,27 a 0,53 para UFV-2, sendo as correlações genéticas maiores à medida que se diminui o intervalo entre os registros. Para número de ovos as estimativas herdabilidades foram de baixa magnitude (0,05 e 0,04), enquanto que para peso médio de ovo (0,41 e 0,39) e gravidade específica dos ovos (0,31 e 0,18) foram de moderada magnitude respectivamente para UFV-1 e UFV-2. As correlações entre pesos corporais e número de ovos foram negativas na UFV-1 e positivas na UFV-2; para peso médio de ovo foram positivas e para gravidade específica negativos para ambas as populações. Conclui-se que a seleção baseada em pesos corporais na fase de crescimento de codornas de corte deve ser preferencialmente em idades precoces como peso a terceira ou quarta semana de vida, pois são correlacionadas positivamente com peso de abate e possuem pouco efeito sobre a produção e qualidade de ovos.

## Chapter I

### Correlations between body-weight traits and egg production in meat-type quails

#### ABSTRACT

Aiming to estimate genetic and environmental correlations and heritabilities, it was used data from 8,759 meat-type quails (population UFV-1), and 9,128, (population UFV-2), belonging to the Poultry Breeding Program, at Universidade Federal de Viçosa, measured weekly from hatch until the sixth week of life, with a total of seven traits in body weight and, lately, using only female quails, accompanied on the phase of egg production, in which were measured the total number of eggs, weight of eggs, and specific average gravity of eggs. It was performed a multitrait analysis with the ten traits measured to estimate heritability, genetic and phenotypic correlations. For the traits of body weight, it was estimated heritabilities, ranging from 0.25 to 0.53 for UFV-1 and 0.27 to 0.53 for UFV-2, finding the largest genetic correlations according to the reduction in the gap between the records. For the number of eggs the heritability estimates were low (0.05 and 0.04), while the average egg weight (0.41 and 0.39) and egg specific gravity (0.31 and 0.18 ) were of moderate magnitude, respectively, for UFV-1 and UFV-2. The correlations between body weight and number of eggs were negative to UFV-1 and positive to UFV-2; for egg weight they were positive and negative for specific gravity for both populations. It is concluded that selection based on body weight during growth of quails should be preferably done in early childhood, as the weight on the third or fourth week of life, because they are positively correlated with slaughter weight and have little effect on egg production and quality.

## Introdução

O estudo das correlações entre características produtivas é de grande importância no delineamento de programas de melhoramento animal. Por muitas vezes a seleção é praticada em uma ou poucas características de interesse, o que pode levar a respostas indesejáveis caso suas correlações sejam desfavoráveis.

Muitas metodologias vêm sendo descritas para mensuração das relações entre características no melhoramento animal. As correlações fenotípicas, genéticas e ambientais obtidas após estimação de componentes de variância são bastante comuns em melhoramento animal, porém em trabalhos com codornas especializadas para produção de carne ainda são bem escassas, sendo, em sua maioria somente para pesos corporais medidos na fase de crescimento até o abate, ou seja, do nascimento até a sexta semana de vida (VALI, 2008).

O padrão inicial de crescimento e o peso à maturidade sexual têm sido apontados como os principais fatores que influenciam o desempenho das aves na fase de postura (SEZER et al., 2006), sendo que essas características devem ter especial atenção em programas de melhoramento para evitar que um critério de seleção adotado ocasione decréscimo no desempenho de reprodutores na fase adulta.

Existem muitas diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos para pesos corporais em codornas, sendo estas ocasionadas por diversos fatores, dentre eles o manejo, o plano nutricional e o material genético utilizado, sendo na maioria das vezes estimados em populações selecionadas para produção de ovos (ABOUL-SEOUD, 2008).

Siegel (1963) mostrou que alguns genes que influenciam o peso juvenil em uma idade têm grande influência em outras idades devido a efeito pleiotrópico, e que efeitos ambientais atuam similarmente sobre o ganho de peso em diferentes idades, então se espera correlações positivas quando considerados esses caracteres.

Shebl et al. (1996) reportaram um aumento nas respostas correlacionadas entre peso aos 42 dias e número de ovos totais em linhagens selecionadas para maior peso corporal, resultados similares foram obtidos por Marks (1979 e 1991) e Helal (1994). Porém Aboul-Hassan et al. (1999), Teixeira (2008) e Silva et al. (2010) obtiveram estimativas negativas entre peso corporal e número de ovos em codornas de corte.

Objetivou-se no presente trabalho identificar e quantificar a associação entre características de peso na fase de crescimento com características produtivas de matrizes de codornas de corte a fim de se estabelecer uma idade para seleção para peso corporal que tenha menor impacto na produção e qualidade dos ovos.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados dados de 8.759 codornas de corte da população UFV-1 e 9.128 da população UFV-2 provenientes do Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, sendo que destas, respectivamente das populações UFV-1 e UFV-2, 1.824 e 1.704 eram matrizes na fase de produção.

As aves foram criadas em piso de concreto com cama de maravalha do primeiro até o 28º dia de idade, tendo os animais acesso a ração adequada às necessidades nutricionais da fase de crescimento, fornecida à vontade, bem como água e aquecimento. No 28º dia de vida os 102 machos e as 204 fêmeas de maior peso corporal foram selecionados e transferidos para gaiolas de aço galvanizado para acompanhamento do desempenho produtivo dos animais. A partir dos 5% de produção de ovos do lote a ração fornecida foi trocada para uma formulação específica para postura. Os procedimentos de cria foram repetidos dessa mesma forma por 13 gerações, com um total de 16 eclosões.

Foram coletados sete registros de peso corporal, sendo mensurados semanalmente do nascimento até a sexta semana de vida e

três características produtivas de matrizes: número de ovos produzidos em 365 dias a partir do 42º dia de idade, peso de ovo médio e gravidade específica dos ovos produzidos aos 180 dias de vida, sendo estas escolhidas em função da maior estabilidade e sendo representativas de toda fase produtiva do animal, de acordo com estudos prévios de Leite et al. (2010). Para produção de ovos foram considerados como registros de produção apenas aves que sobreviveram até o último dia de medida, ou seja, produção por ave.

Nas análises por meio de modelo animal foram retirados da matriz de relacionamento genético (A) os animais que não tinham parentesco algum com os demais ou então que não contribuía com informações e tinham apenas uma ligação de parentesco através de um processo de “poda” (“*pruning*”) executado em uma primeira fase pelo programa WOMBAT (MEYER, 2007).

Posteriormente foram realizadas análises unicaracterísticas para os pesos corporais, sendo considerados efeitos fixos de sexo e de geração/eclosão e para características produtivas de matrizes efeitos fixos de geração/eclosão somente. Estas estimativas serviram como auxílio na construção das matrizes de (co)variâncias genéticas e ambientais utilizadas como valores iniciais na estimação de componentes de variância por meio de análise multicaracterística.

A análise multicaracterística foi realizada com as 10 características mensuradas. Para facilitar o processo de convergência primeiramente foi realizada uma análise multicaracterística utilizando redução de posto. Neste caso a matriz de (co)variâncias aditivas foi reduzida, por meio de componentes principais, de acordo com metodologia descrita por Meyer e Kirkpatrick (2005), para posto igual a cinco.

Após esse processo a matriz resultante foi utilizada como valor inicial da análise multicaracterística de posto completo.

Para todas análises genéticas foi utilizado o programa WOMBAT (MEYER, 2007), utilizando-se de algoritmos padrão do sistema. O modelo pode ser representado na forma matricial por:

$$y = Xb + Za + \epsilon$$

em que:

$y$  é o vetor de observações;

$X$  é a matriz de incidência de efeitos fixos;

$h$  é o vetor de efeitos fixos;

$Z$  é a matriz de incidência de efeitos aleatórios ;

$a$  é o vetor de efeitos aleatórios;

$e$  é o vetor de resíduos.

As pressuposições assumidas para os efeitos aleatórios foram as seguintes:

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

em que:

$G = A\sigma_a^2$  é a matriz de (co)variâncias aditivas, sendo  $A$  a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco e  $\sigma_a^2$  a variância aditiva;

$R = I\sigma_e^2$  é a matriz de variância residual,  $I$  uma matriz identidade e  $\sigma_e^2$  a variância residual

## Resultados e Discussão

### População de codornas de corte UFV-1

Na tabela 1 estão as estatísticas descritivas das características mensuradas na população de codornas de corte UFV-1.

As características de peso corporal têm maior número de dados por serem medidas tanto em animais selecionados como não selecionados, havendo redução destes com o aumento da idade por mortalidade e perda de identificação, enquanto que o número de ovos, peso de ovos e gravidade específica dos ovos têm número reduzido de registros por se tratar de uma característica medida somente em fêmeas (matrizes) selecionadas.

As estimativas de herdabilidades, correlações genéticas e residuais para a população UFV-1 são apresentadas na tabela 2.



Em geral as correlações genéticas entre pesos corporais são de alta magnitude, aumentando a medida que se diminui a distância entre

Tabela 1. Estatísticas descritivas da população de codornas de corte UFV-1

	Número de medidas	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
P0	8.759	9,69	1,08	5,30	13,42
P1	8.540	33,31	7,48	10,00	58,03
P2	8.368	86,14	16,14	12,79	136,69
P3	8.532	149,15	24,70	44,80	228,85
P4	8.533	210,06	29,67	81,00	315,06
P5	7.867	248,81	31,61	109,01	397,68
P6	7.574	274,29	36,72	131,27	448,54
NOT	515	281,95	46,64	81,00	357,00
POM	1.502	13,86	1,17	10,10	18,59
GEM	1.178	1,072	0,06	1,060	1,090

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana em gramas; NOT – Número de ovos total; POM – Peso de ovo médio em gramas; GEM – Gravidade específica média dos ovos em gramas por centímetro cúbico

Tabela 2. Estimativas de herdabilidades (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e residuais (abaixo da diagonal) para a população de codornas de corte UFV-1

	P0	P1	P2	P3	P4	P5	P6	NOT	POM	GEM
P0	<b>0,53</b>	0,38	0,35	0,35	0,43	0,39	0,43	-0,05	0,92	-0,12
P1	0,31	<b>0,30</b>	0,90	0,74	0,57	0,40	0,26	0,29	0,47	-0,19
P2	0,23	0,71	<b>0,29</b>	0,96	0,82	0,64	0,44	0,11	0,41	-0,15
P3	0,21	0,23	0,75	<b>0,30</b>	0,94	0,78	0,59	-0,11	0,47	-0,26
P4	0,21	0,49	0,69	0,80	<b>0,30</b>	0,93	0,80	-0,34	0,54	-0,33
P5	0,21	0,36	0,54	0,66	0,77	<b>0,29</b>	0,96	-0,30	0,50	-0,19
P6	0,17	0,22	0,35	0,45	0,55	0,69	<b>0,25</b>	-0,32	0,46	-0,20
NOT	-0,03	0,03	-0,06	-0,13	-0,19	-0,18	-0,13	<b>0,05</b>	0,14	0,80
POM	0,16	0,09	0,11	0,16	0,23	0,25	0,20	-0,03	<b>0,41</b>	0,13
GEM	0,00	-0,03	-0,05	-0,08	-0,10	-0,10	-0,08	0,13	-0,02	<b>0,31</b>

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana; NOT – Número de ovos total; POM – Peso de ovo médio; GEM – Gravidade específica média dos ovos.

estes, exceto pelo peso ao nascimento que, em geral, apresenta correlações mais baixas com as demais medidas. Esse comportamento é similar ao observado por Paiva (2007), Dionello et al. (2008) e Gotuzzo et al. (2009) com diferentes populações de codornas de corte, por diferentes metodologias.

As correlações entre pesos corporais e número de ovos total estimadas foram em geral de baixa a média magnitude, com tendência a valores negativos em idades mais tardias, tais como os reportados por Abdel-Mounsef (2005), com estimativas da ordem de 0,08 entre peso ao nascimento e número de ovos em 10 semanas para codornas de corte e por Minvielle et al. (1999) entre peso às quatro semanas e produção total de ovos (-0,09). Esses resultados sugerem que a seleção para peso corporal em idades precoces poderia ter pouco efeito sobre o número de ovos produzidos.

Quanto ao peso médio de ovo, este apresenta correlações genéticas praticamente constantes na fase de crescimento, sendo quase sempre de magnitude moderada, exceto pelo peso ao nascimento que apresenta alta correlação, o que já foi evidenciado entre o peso ao nascimento e o peso do ovo incubado (SEKER, 2004). Esses resultados foram próximos aos obtidos por Saatci et al. (2006) que trabalharam com as mesmas características em uma população de codornas japonesas, e encontraram estimativas de 0,17; 0,05; 0,33; 0,25; 0,21; 0,14; 0,22 entre peso médio do ovo e 7 pesos corporais semanais do nascimento à sexta semana de idade.

Para a gravidade específica dos ovos produzidos as correlações genéticas com os pesos corporais foram negativas, variando de baixa a moderada, semelhante às obtidas por Teixeira (2008), de -0,27 e Silva et al. (2010) -0,44, ambos entre gravidade específica e peso corporal adulto.

Correlações residuais foram de maior magnitude entre pesos corporais em idades próximas, e próximas a zero entre pesos corporais e características de ovos, bem como dentre as mesmas.

As estimativas de herdabilidade foram em geral de magnitude moderada a alta para pesos corporais, sendo a maior ao nascimento e a menor à sexta semana, resultados similares aos obtidos por Bonafé et al. (2008) utilizando modelos unicaracterísticos e de regressão aleatória considerando heterogeneidade de variâncias residuais.

Para número de ovos total a estimativa de herdabilidade foi menor que a observada em revisão feita por Vali (2008) que sumarizou trabalhos de diversos autores por diferentes metodologias com herdabilidades variando de 0,26 a 0,58. Para peso de ovo a estimativa foi próxima à faixa estimada por Georg (2007) com três linhagens de codornas japonesas em dois ambientes diferentes, variando as estimativas entre 0,44 e 0,66. Para gravidade específica a estimativa foi similar a obtida por Sezer (2007) com codornas japonesas que reportou valor de 0,31.

### **População de codornas de corte UFV-2**

Na tabela 3 estão as estatísticas descritivas básicas das características mensuradas e na tabela 4 estão as estimativas de herdabilidades, correlações genéticas e residuais para a população de codornas de corte UFV-2.

Na população UFV-2 houve aumento das correlações genéticas à medida que o intervalo entre as idades diminuía. A maior estimativa de herdabilidade para pesos corporais foi para peso ao nascimento (0,53) e as estimativas para as idades seguintes variaram de 0,27 a 0,45.

Para número de ovos e peso médio de ovos produzidos as estimativas de herdabilidades foram similares às obtidas por Georg (2007), porém para gravidade específica foi inferior aos obtidos por Silva et al. (2010) e Sezer (2007).

As correlações entre pesos corporais e número de ovos produzidos foram positivas, ligeiramente superiores às obtidas por Abdoul-Seoud (2008) que reportou estimativas de correlações genéticas de até 0,28, porém diferentes das estimadas para a linhagem UFV-1. A correlação

Tabela 3. Estatísticas descritivas da população de codornas de corte UFV-2

	Número de medidas	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
P0	9.128	9,82	1,13	5,60	13,55
P1	8.925	33,91	6,84	11,80	59,36
P2	8.627	87,46	15,95	20,30	214,20
P3	8.793	151,20	23,95	39,00	265,00
P4	8.811	213,01	28,52	78,00	358,17
P5	8.183	255,65	31,17	104,01	396,67
P6	7.486	283,50	37,42	123,18	429,62
NOT	407	279,57	47,76	99,00	357,00
POM	1.375	14,05	1,17	8,88	18,59
GEM	1.190	1,071	0,05	1,060	1,090

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana em gramas; NOT – Número de ovos total; POM – Peso de ovo médio em gramas; GEM – Gravidade específica média dos ovos em gramas por centímetro cúbico.

Tabela 4. Estimativas de herdabilidades (diagonal), correlações genéticas (abaixo da diagonal) e residuais (acima da diagonal) para a população de codornas de corte UFV-2

	P0	P1	P2	P3	P4	P5	P6	NOT	POM	GEM
P0	<b>0,53</b>	0,46	0,40	0,35	0,33	0,34	0,35	-0,46	0,99	-0,02
P1	0,34	<b>0,27</b>	0,86	0,68	0,53	0,41	0,28	0,30	0,57	-0,05
P2	0,25	0,76	<b>0,28</b>	0,94	0,84	0,71	0,58	0,46	0,49	-0,32
P3	0,23	0,62	0,85	<b>0,35</b>	0,97	0,87	0,75	0,47	0,42	-0,30
P4	0,20	0,48	0,71	0,83	<b>0,42</b>	0,96	0,87	0,45	0,38	-0,27
P5	0,20	0,35	0,56	0,70	0,80	<b>0,45</b>	0,97	0,48	0,37	-0,35
P6	0,15	0,21	0,37	0,48	0,57	0,69	<b>0,33</b>	0,47	0,37	-0,45
NOT	-0,02	0,03	-0,03	-0,09	-0,13	-0,16	-0,05	<b>0,04</b>	-0,37	0,55
POM	0,19	0,16	0,19	0,19	0,20	0,22	0,20	-0,01	<b>0,39</b>	-0,06
GEM	-0,03	0,00	-0,06	-0,11	-0,09	-0,14	-0,13	0,03	0,02	<b>0,18</b>

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana; NOT – Número de ovos total; POM – Peso de ovo médio; GEM – Gravidade específica média dos ovos.

genética positiva entre número de ovos e pesos corporais, segundo Nordskog e Briggs (1968) pode ser atribuída ao fato de que a linhagem analisada não atingiu ainda o peso corporal ideal para expressão máxima da produção de ovos.

Para gravidade específica e peso médio de ovo as estimativas de correlações genéticas com pesos corporais foram similares às obtidas para a linhagem UFV-1. As correlações genéticas entre características produtivas de matrizes foram similares às da população UFV-1, exceto pela correlação entre peso médio e número de ovos que foi negativa como a obtida por Silva et al. (2010).

## **CONCLUSÃO**

A seleção baseada em pesos corporais na fase de crescimento de codornas de corte deve ser preferencialmente em idades precoces, como o peso à terceira ou quarta semana de vida, pois são correlacionadas positivamente com peso de abate e possuem pouco efeito sobre a produção e qualidade de ovos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-MOUNSEF, N. A. **Non genetic factors affecting some productive traits in Japanese quail**. Cairo: Universidade do Cairo, 2005. 102p. Tese (M.Sc. em Ciências agrícolas) Universidade do Cairo, Egito. 2005.

ABDOUL-SEOUD. **Divergent selection for growth and egg production traits in Japanese quail**. Cairo: Universidade do Cairo. 136p. Tese (Ph.D. em Ciências Agrícolas) Universidade do Cairo, Egito. 2008.

ABOUL-HASSAN, M. A.; EL-FIKY, F. A.; ATTALAH, G. E. Y. Selection for growth traits in Japanese quail. 2- Correlated response. **Al-Azhar Journal Agricultural Research** , v.29, p.55-70.1999.

BONAFÉ, C.M.; TEIXEIRA, R.B.; SOUSA, M.F. et al. Modelos de regressão aleatória considerando heterogeneidade de variância residual na descrição da curva de crescimento de codornas européias. In: Reunião Anual Da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 45., 2008, **Anais...** Lavras: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2008. (CD-ROM).

NORDSKOG, A.W.; BRIGGS, D.M. The body weight egg production paradox. **Poultry Science**, v.47, n.2, p.498-504. 1968.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; SANTOS, G.G. Estimativas da trajetória genética de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.60, n.2, p.454-460, 2008.

GEORG. P.C. **Caracterização de três linhagens de codornas de postura alimentadas com rações de alto e baixo nível de energia metabolizável**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá. 61p.

Dissertação (M.Sc. em Zootecnia) Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR. 2007

GOTUZZO, A.G.; REIS, J.S.; FIGAS, M.F. et al. Correlações genéticas entre pesos corporais até 42 dias em codornas de corte. In: XVIII Congresso de Iniciação Científica. **Anais...** Pelotas, 2009. Disponível em: <[www.ufpel.tche.br/cic/2009/cd/pdf/CA/CA\\_00197.pdf](http://www.ufpel.tche.br/cic/2009/cd/pdf/CA/CA_00197.pdf)> Acesso em 15/06/2010

HELAL, M. A. **The effect of crossing on the performance of Japanese quail**. Alexandria: Alexandria University. 121p. Tese (M.Sc. em Medicina Veterinária), Alexandria University, Egito.1994.

LEITE, C.D.S.; CORRÊA, G.S.S.; BARBOSA, L. et al. Avaliação de características de desempenho e de carcaça de codornas de corte por meio da análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.61, n.2, p.498-503, 2009.

MARKS, H. L. Changes in unselected traits accompanying long-term selection for four-week body weight in Japanese quail. **Poultry Science**, v. 58, p. 269-274. 1979.

MARKS, H. L. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environment. 4- Genetic and correlated responses from generations 12 to 20. **Poultry Science**, v.70, p. 453-462.1991.

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

MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution** 37, p. 1–30. 2005

MINVIELLE, F.; HIRIGOYEN, E.; BOULAY, M. Associated effects of the roux plumage color mutation on growth, carcass traits, egg production, and reproduction of Japanese quail. **Poultry Science**, v.78, p.1479–1484, 1999.

PAIVA,E. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, para peso corporal e características de carcaça em codorna de corte.** Maringá: Universidade Estadual de Maringá. 60p. Dissertação (M.Sc. em Zootecnia) UEM – Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR. 2007.

SAATCI, M., DEWI, I.A., AKSOY, A.R. et al. Estimation of genetic parameters for weekly liveweights in one to one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Proceedings...** 7th, Montpellier, France. 2002.

SEKER, I.; KUL, S.; BAYRAKTAR, M. Effects of parental age and hatching egg weight of japanese quails on hatchability and chick weight. **International Journal of Poultry Science**, v.3, n.4, p.259-265, 2004.

SEZER,M.; BERBEROGLU, E.; ULUTAS Z. Genetic association between sexual maturity and weekly live-weights in laying-type Japanese quail **South African Journal of Animal Science**, v.36, n.2, p.142-148, 2006.

SEZER, M. Heritability of exterior egg quality traits in Japanese quail. **Journal of Applied Biological Sciences**. v.1, n.2, p.37-40, 2007.

SHEBL, M. K., BAHIE EL-DEEN, M.; KOSBA, M. A. Selection for 6 weeks body weight in Japanese quail – Direct and correlated responses. **Egyptian Poultry Science**. v.16, p.703-723. 1996.

SIEGEL, P. B. Selection for breast angle at eight weeks of age: 2. Correlated responses for feathering, body weighs and reproductive characteristics. **Poultry Science**, v.42, p.437- 449. 1963.



SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CAETANO, G.C.; et al. Parâmetros genéticos de matrizes de codornas de corte em produção. In: Reunião Anual Da Sociedade Brasileira De Zootecnia, 47., 2010, **Anais...** Salvador: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2010. (CD-ROM).

TEIXEIRA, R.B. **Avaliação genética da produção de ovos de linhagens de codornas de corte.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 76 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2008.

VALI, N. The japanese quail: a review. **International Journal of Poultry Science**, v.7, n.9, p.925-931, 2008.

## Capítulo II

### **Avaliação de esquemas alternativos de pesagens em codornas de corte utilizando regressão aleatória**

#### **RESUMO**

Foram utilizados dados de 8.759 codornas de corte da população UFV-1 e 9.128 da população UFV-2, provenientes do Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, objetivando-se avaliar a redução no número de registros de peso corporal em avaliações genéticas. Os animais foram pesados semanalmente do nascimento até a sexta semana de vida, totalizando um máximo de sete registros de peso corporal por ave. Os dados foram avaliados por meio de modelos de regressão aleatória, sendo avaliados nove esquemas alternativos de coleta de dados, que possuíam quatro registros cada e suas funções de covariâncias para efeitos aditivo e de ambiente permanente de ordem três, ajustando-se quatro classes de variância residual. Também foi utilizado um esquema completo, com sete registros, ordem de ajuste seis para efeito aditivo e de ambiente permanente e sete classes de heterogeneidade de variância residual. Para avaliar a eficiência dos esquemas alternativos quando comparados ao esquema completo utilizou-se de indicadores como o quadrado médio do erro de predição (QMEP), porcentagem quadrática de viés (PQV), desvio médio absoluto (DMA) e correlação simples ( $r$ ) dos valores genéticos na quarta e sexta semana de idade. As herdabilidades para peso à sexta semana variaram de 0,45 a 0,53 na população UFV-1 e de 0,28 a 0,54 para a UFV-2. Os esquemas que apresentaram mais registros em pontos na extremidade final da curva tiveram maior  $r$ , menores QMEP, PQV e DMA

e, a medida que se utilizava menos informações próximos ao final, os valores genéticos se tornavam mais distantes daqueles preditos pelo esquema completo, possivelmente devido a propriedades da regressão polinomial que tendem a provocar viés nos resultados no extremo final da curva. A redução no número de pesagens de codornas de corte na fase de crescimento é viável, sendo as estimativas de valores genéticos pouco alteradas quando analisados quatro registros de peso corporal por meio de modelos de regressão aleatória.

## Chapter II

### Evaluation of alternative schemes for record of body-weights in meat-type quail using random regression models

#### ABSTRACT

It was used data from 8,759 meat-type quails from population UFV-1, and 9,128 from population UFV-2, of the Poultry Breeding Program, at Universidade Federal de Viçosa, aiming to evaluate the reduction in the number of records of body weight in genetic evaluations. The animals were weighed weekly from hatch until the sixth week of life, totaling a maximum of seven records of body weight per bird. Data were evaluated using random regression models, being evaluated nine alternative schemes for data collection, which had four records each and their covariance functions for additive and permanent environment of order three, setting up four classes of residual variance. It was also used a complete scheme, with seven records, setting order six for additive effect and of permanent environment, and seven classes of heterogeneity of residual variance. To evaluate the efficiency of alternative schemes when compared to the complete scheme it was used indicators such as mean squared error (MSE), percentage of quadratic bias (PQV), average absolute deviation (AVG) and simple correlation ( $r$ ) of breeding values in the fourth and sixth weeks of age. The heritability for weight at six weeks ranged from 0.45 to 0.53 for the population UFV-1 and 0.28 to 0.54 for the UFV-2. The schemes that had more records in points at the far end of the curve had a higher  $r$ , smaller MSE, PQV and AVG, and as less information was used coming to the end, the genetic values became more distant from those predicted by the complete schedule, possibly due to properties of polynomial regression, that tend to cause bias in

the results at the extreme end of the curve. The reduction in the number of weights of meat-type quails in the growing phase is viable and the estimated breeding values changed little when analyzed four records of body weight using random regression models.

## Introdução

Medidas repetidas no tempo, como pesos corporais, são dados longitudinais e demandam metodologias adequadas às estimativas de parâmetros genéticos. Dados longitudinais podem ser analisados de diversas formas. Uma delas seria o modelo de repetibilidade, que assume que as medidas possuem correlação igual a um, o que significa, em outras palavras, que os mesmos genes atuam em todas as idades do animal.

Uma alternativa seria a análise através de modelos não-lineares, ajustando uma curva média para uma população e determinando parâmetros para cada animal, fazendo-se a seleção baseada nesses parâmetros (BRACCINI NETO, 1993). Entretanto nesse método não se considera o parentesco entre os animais no primeiro passo e animais com um ou poucos registros são desconsiderados da análise (SARMENTO, 2007). Além disso, ao ajustar uma curva, todas as medidas do animal são utilizadas, entretanto, dados dessa natureza têm erros correlacionados e isto não tem sido considerado neste método.

Existem ainda modelos multicaracterísticas (ou de dimensão finita). Nesses modelos assume-se que cada medida nas várias idades é uma característica diferente. No modelo multicaracterística as covariâncias entre as medidas nas diferentes idades variam e as correlações podem ser diferentes da unidade, ou seja, as correlações são consideradas nas análises, mas não é feita qualquer pressuposição sobre a estrutura de covariâncias.

Modelos de regressão aleatória têm sido sugeridos no intuito de facilitar as estimativas, de modo a resumir todas as estimativas de parâmetros para o crescimento animal em funções de covariâncias para

seus efeitos aleatórios. Nestes modelos qualquer informação implícita na ordem e espaçamento dos registros é utilizada. Além disso, covariâncias para os pontos individuais são modeladas mais apropriadamente. No contexto da avaliação genética isto implica que os dados são usados mais eficientemente e suas estimativas de valores genéticos têm acurácias maiores e, em se tratando de estimação de componentes de variância, facilitam a descrição parcimoniosa das mudanças de estruturas de covariância potencialmente complexas (MEYER, 2005a).

O número de medidas a ser tomado deve ser decidido com critério, pois nem sempre medidas equidistantes ou sequenciais proporcionam melhores ajustes em funções polinomiais.

Toral (2008) trabalhando com dados simulados, no modelo não-linear de Richards, obteve valores próximos aos paramétricos quando diminuído o intervalo e aumentado o número de registros de medidas.

Araujo et al. (2009), com dados simulados, verificaram que modelos de regressão aleatória são os mais adequados para descrever continuamente as estruturas de covariâncias de crescimento ao longo do tempo, apresentando-se menos susceptíveis ao viés de seleção quando comparados a modelos de repetibilidade e multicaracterísticas.

Nobre (2001) trabalhando com dados de pesos em gado Nelore observou que as estimativas de parâmetros genéticos em modelos de regressão aleatória foram similares às de modelos multicaracterísticas, porém apresentaram artefatos quando se tratava de conjuntos com dados perdidos.

Mesmo com a utilização de polinômios ortogonais, os coeficientes de regressão podem ser altamente correlacionados, a matriz de covariância entre eles pode não ser positiva definida e a estrutura de covariância, em geral, pode apresentar grandes mudanças nos extremos da trajetória de crescimento considerada (SOUSA et al., 2008).

Parâmetros genéticos estimados por modelos de regressão aleatória podem não ser acurados por várias razões como o tamanho do banco de dados, a seleção de dados e o modelo ou metodologia utilizada. Entretanto, os parâmetros podem ser estimados de forma mais acurada

após melhorias nas metodologias, tornando os cálculos computacionais mais confiáveis e menos custosos (MISZTAL et al., 2000; POOL e MEUWISSEN, 2000).

O objetivo deste estudo foi estimar a eficiência de esquemas alternativos de coleta de dados em codornas de corte, de modo a se reduzir o número de pesagens dos animais sem alterar as estimativas de valores genéticos para seleção, obtendo assim um esquema apropriado para a redução no número de pesagens.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados dados de pesos corporais de 8.759 codornas de corte da população UFV-1 e de 9.128 da população UFV-2, de 13 gerações, provenientes do Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa.

As aves foram criadas em piso de concreto e cama de maravalha do primeiro até o 28º dia, sendo que nessa idade foram submetidas à seleção, adotando-se como critério o peso corporal nessa idade, selecionando-se os 102 melhores machos e 204 melhores fêmeas a cada geração. Os animais selecionados passaram para gaiolas de reprodução, enquanto os não selecionados permaneceram no piso. Os animais foram pesados semanalmente, do nascimento até a sexta semana de vida, totalizando sete medidas de peso corporal.

Foi estabelecido, como parâmetro de comparação, um esquema de regressão aleatória com uso das sete medidas obtidas, ajustando-se ordem seis para variância aditiva e seis para variância de ambiente permanente, considerando sete classes de heterogeneidade de variância residual.

Este esquema foi proposto por Bonafé (2008), analisando as mesmas populações deste estudo, comparando diferentes classes de heterogeneidade de variância residual e diferentes ordens de ajuste de variâncias aditivas e de ambiente permanente, sendo avaliados critérios

como teste de razão de verossimilhança e critérios de informação como AIC e BIC.

Posteriormente foram elaborados esquemas alternativos com quatro registros de peso corporal, sendo o primeiro peso ao nascimento e o último o peso à sexta semana de vida e dois registros em idades intermediárias como representado na tabela 1.

Tabela 1. Delineamento dos esquemas avaliados

Esquema	P0	P1	P2	P3	P4	P5	P6
Completo	X	X	X	X	X	X	X
1	X	X	X				X
2	X	X		X			X
3	X	X			X		X
4	X	X				X	X
5	X		X	X			X
6	X		X		X		X
7	X		X			X	X
8	X			X	X		X
9	X				X	X	X

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à sexta semana de vida

Para as análises de esquemas reduzidos ajustou-se um modelo de ordem três para variância aditiva e três para ambiente permanente, considerando variância residual heterogênea, com ajuste de quatro classes.

A equação do modelo de regressão aleatória pode ser representada como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{K_A-1} \alpha_{im} \phi_m(\alpha_{ij}^2) + \sum_{m=0}^{K_R-1} \delta_{im} \phi_m(\alpha_{ij}^2) + s_{ij}$$

em que:

$F$ : conjunto de efeitos fixos ;

$\alpha_{im}$ : coeficiente de regressão aditivo  $m$  para o animal  $i$  ;

$\delta_{im}$ : coeficiente de regressão de ambiente permanente  $m$  para o animal  $i$  ;

$K_A$ : ordem de ajuste para o coeficiente de regressão aditivo ;



$K_R$ : ordem de ajuste para o coeficiente de regressão ambiente permanente ;

$a_{ij}^j$ : idade  $j$  do animal  $i$  ;

$\phi_m(a_{ij}^j)$ : polinômio de Legendre de ordem  $m$  avaliado para  $a_{ij}^j$  ;

$\varepsilon_{ij}$ : erro.

Foram utilizados efeitos fixos de geração e sexo, sendo as análises executadas utilizando-se o programa WOMBAT (MEYER, 2007). O modelo na forma matricial é representado por:

$$y = Xb + Z_1\alpha + Z_2c + \varepsilon$$

em que:

$y$  é o vetor de observações ;

$X$  é a matriz de incidência dos coeficientes de regressão fixos;

$Z_1$  é a matriz de incidência de coeficientes de regressão aleatória aditivo direto;

$Z_2$  é a matriz de incidência de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;

$b$  é o vetor que contém os efeitos fixos;

$\alpha$  é o vetor de coeficientes de regressão aleatória aditivos diretos;

$c$  é o vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;

$\varepsilon$  é o vetor de resíduos.

Assumindo  $\begin{pmatrix} \alpha \\ c \\ \varepsilon \end{pmatrix} \sim N(0, V)$ ,  $V = \begin{pmatrix} K_\alpha \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_c \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{pmatrix}$

em que:

$K_\alpha$  é uma matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória aditivo;

$A$  é a matriz de numeradores do coeficientes de parentesco entre os animais;

$K_c$  é uma matriz de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente;

$I$  é uma matriz identidade;

$R$  é uma matriz diagonal de variâncias residuais com elementos que dependem do número de classes ajustadas;

Para cada esquema alternativo foi avaliado o valor genético dos animais da última (13<sup>a</sup>) geração disponível no banco de dados na quarta e sexta semana de vida, sendo a primeira a idade à seleção e a última a idade ao abate no programa de melhoramento e posteriormente comparados com os estimados pelo esquema de sete medidas através de indicadores de qualidade de modelos, os quais são descritos a seguir:

Quadrado médio do erro de predição (QMEP):

$$QMEP = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2;$$

Porcentagem quadrática de viés (PQV):

$$PQV = \left( \frac{\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i)^2} \right) \times 100;$$

Desvio médio absoluto (DMA):

$$DMA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |\hat{y}_i - y_i|;$$

e correlação simples ( $r$ ):

$$r = \text{CGV}(\hat{y}_i, y_i) / \sqrt{V(\hat{y}_i)V(y_i)};$$

em que

$y_i$  = Valor no dia  $i$ , conhecido no conjunto de dados completo ;

$\hat{y}_i$  = Valor estimado para o dia  $i$ , estimado com o esquema alternativo ;

$n$  = Número de dados no esquema alternativo.

## Resultados e Discussão

Estatísticas descritivas dos pesos corporais medidos para as populações de codornas de corte UFV-1 e UFV-2 estão nas tabelas 2 e 3 respectivamente.

Tabela 2. Estatísticas descritivas da população de codornas de corte UFV-1

	<b>Número de medidas</b>	<b>Média</b>	<b>Desvio Padrão</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>
<b>P0</b>	8.759	9,69	1,08	5,30	13,42
<b>P1</b>	8.540	33,31	7,48	10,00	58,03
<b>P2</b>	8.368	86,14	16,14	12,79	136,69
<b>P3</b>	8.532	149,15	24,70	44,80	228,85
<b>P4</b>	8.533	210,06	29,67	81,00	315,06
<b>P5</b>	7.867	248,81	31,61	109,01	397,68
<b>P6</b>	7.574	274,29	36,72	131,27	448,54

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana, em gramas.

Tabela 3. Estatísticas descritivas da população de codornas de corte UFV-2

	<b>Número de medidas</b>	<b>Média</b>	<b>Desvio Padrão</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>
<b>P0</b>	9.128	9,82	1,13	5,60	13,55
<b>P1</b>	8.925	33,91	6,84	11,80	59,36
<b>P2</b>	8.627	87,46	15,95	20,30	214,20
<b>P3</b>	8.793	151,20	23,95	39,00	265,00
<b>P4</b>	8.811	213,01	28,52	78,00	358,17
<b>P5</b>	8.183	255,65	31,17	104,01	396,67
<b>P6</b>	7.486	283,54	37,42	123,18	429,62

P0 até P6 – Pesos corporais do nascimento à 6ª semana, em gramas.

Na população UFV-1 o maior número de medidas foi no peso ao nascimento, com pequena redução em pesagens posteriores, chegando até 86% dos dados iniciais até a sexta semana. Essas perdas foram devidas à mortalidade e perdas de identificação dos animais ao longo do crescimento animal.

De modo similar, na população UFV-2, houve mais registros para o peso ao nascimento, com pouca redução em registros nas primeiras semanas, tendo uma redução de 82% até a sexta semana, pelos mesmos motivos expostos anteriormente.

Nas tabelas 4 e 5 estão as herdabilidades na sexta semana de idade, proporções de variância de ambiente permanente em relação à variância fenotípica e a variância fenotípica nas populações UFV-1 e UFV-2, respectivamente.

Tabela 4. Herdabilidade ( $h^2$ ), proporção da variância de ambiente permanente em relação à variância fenotípica ( $pe^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) e erro padrão da variância fenotípica ( $ep$ ) para a população de codornas de corte UFV-1 na sexta semana de idade

Esquema	$h^2$	$pe^2$	$\sigma_p^2$	$ep$
<b>Completo</b>	0,45	0,33	1069,32	19,28
<b>1</b>	0,47	0,52	1072,12	20,30
<b>2</b>	0,47	0,53	1076,33	20,15
<b>3</b>	0,50	0,32	1096,79	20,91
<b>4</b>	0,53	0,23	1125,43	21,36
<b>5</b>	0,48	0,29	1080,66	20,46
<b>6</b>	0,48	0,26	1063,88	19,80
<b>7</b>	0,52	0,20	1127,89	21,41
<b>8</b>	0,47	0,24	1077,96	20,32
<b>9</b>	0,48	0,24	1092,67	19,99

As variâncias fenotípicas na população UFV-1 para o peso à 6ª semana foram similares em todos os esquemas, variando de 1063,88 e 1127,89, bem como suas herdabilidades que variaram entre 0,45 e 0,53.

Para a população UFV-2 a variância ficou entre 1148,72 e 1218,53 sendo similar àquela obtida no modelo completo, porém as herdabilidades tiveram maior oscilação quanto ao esquema adotado, variando de 0,28 à 0,54.

Nas tabelas 6 e 7 estão os indicadores de qualidade dos esquemas alternativos analisados em relação ao esquema com informações completas, quando considerados os valores genéticos na sexta semana de vida para as populações UFV-1 e UFV-2, respectivamente.

Tabela 5. Herdabilidade ( $h^2$ ), proporção da variância de ambiente permanente em relação à variância fenotípica ( $pe^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) e erro padrão da variância fenotípica ( $ep$ ) para a população de codornas de corte UFV-2 na sexta semana de idade

Esquema	$h^2$	$pe^2$	$\sigma_p^2$	$ep$
<b>Completo</b>	0,37	0,41	1172,45	20,20
<b>1</b>	0,35	0,64	1148,72	21,59
<b>2</b>	0,38	0,46	1164,90	20,34
<b>3</b>	0,39	0,32	1183,70	21,59
<b>4</b>	0,54	0,20	1208,89	23,52
<b>5</b>	0,28	0,44	1172,37	20,78
<b>6</b>	0,35	0,40	1190,69	21,65
<b>7</b>	0,44	0,25	1218,53	23,49
<b>8</b>	0,35	0,30	1151,16	21,35
<b>9</b>	0,40	0,30	1187,71	22,49

Tabela 6. Quadrado médio do erro de predição (QMEP), porcentagem quadrática de viés (PQV), desvio médio absoluto (DMA) e correlação ( $r$ ) dos valores genéticos na sexta semana de vida em esquemas alternativos com o esquema total, para a população de codornas de corte UFV-1.

Esquema	QMEP	PQV	DMA	$r$
<b>1</b>	129,13	8,52	0,96	0,85
<b>2</b>	119,81	7,91	0,44	0,86
<b>3</b>	87,84	5,80	1,80	0,91
<b>4</b>	53,53	3,53	1,80	0,95
<b>5</b>	173,86	11,48	7,18	0,86
<b>6</b>	135,60	8,95	2,28	0,86
<b>7</b>	51,17	3,38	3,27	0,96
<b>8</b>	99,78	6,59	2,98	0,90

---

9	18,30	1,21	1,58	0,99
---	-------	------	------	------

---

Tabela 7. Quadrado médio do erro de predição (QMEP), porcentagem quadrática de viés (PQV), desvio médio absoluto (DMA) e correlação (r) dos valores genéticos na sexta semana de vida em esquemas alternativos com o esquema total, para a população de codornas de corte UFV-2.

Esquema	QMEP	PQV	DMA	r
1	194,97	3,22	10,79	0,87
2	114,16	1,88	6,53	0,88
3	76,47	1,26	3,62	0,89
4	25,27	0,42	1,01	0,96
5	114,08	1,88	7,04	0,89
6	76,15	1,26	3,64	0,89
7	21,85	0,36	1,70	0,97
8	75,82	1,25	3,70	0,89
9	4,60	0,07	0,03	0,99

---

Nas tabelas 8 e 9 estão os indicadores de qualidade dos esquemas alternativos analisados em relação ao esquema com informações completas, quando considerados os valores genéticos na quarta semana de vida para as populações UFV-1 e UFV-2, respectivamente.

Os resultados da população UFV-1 mostram que todos os esquemas alternativos analisados apresentam baixos QMEP, PQV e DMA e alta correlação quando comparados com o valor genético obtido com o esquema com medidas completas.

Dentre os modelos que apresentaram melhores índices estão aqueles que continham a medida de peso à 5ª semana (esquemas 4, 7, 9) provavelmente devido à presença de mais registros ao final da curva, ocasionando melhores estimativas de parâmetros genéticos. Isto pode ser devido a uma maior dificuldade relacionada às propriedades da regressão

polinomial, a qual não se comporta bem nos extremos da idade e com a ordem de ajuste usada para descrever os dados (ARANGO et al., 2004).

Tabela 8. Quadrado médio do erro de predição (QMEP), porcentagem quadrática de viés (PQV), desvio médio absoluto (DMA) e correlação (r) dos valores genéticos na quarta semana de vida em esquemas alternativos com o esquema total, para a população UFV-1.

<b>Esquema</b>	<b>QMEP</b>	<b>PQV</b>	<b>DMA</b>	<b>r</b>
<b>1</b>	70,19	9,12	1,23	0,85
<b>2</b>	63,53	8,28	0,02	0,86
<b>3</b>	44,06	5,74	0,78	0,91
<b>4</b>	37,68	4,91	0,82	0,92
<b>5</b>	115,40	15,04	6,71	0,88
<b>6</b>	86,50	11,27	3,65	0,87
<b>7</b>	54,26	7,07	4,90	0,95
<b>8</b>	54,96	7,16	3,44	0,92
<b>9</b>	11,22	1,46	0,25	0,99

Tabela 9. Quadrado médio do erro de predição (QMEP), porcentagem quadrática de viés (PQV), desvio médio absoluto (DMA) e correlação (r) dos valores genéticos na quarta semana de vida em esquemas alternativos com o esquema total, para a população UFV-2.

<b>Esquema</b>	<b>QMEP</b>	<b>PQV</b>	<b>DMA</b>	<b>r</b>
<b>1</b>	177,35	4,62	11,38	0,88
<b>2</b>	110,20	2,87	8,35	0,90
<b>3</b>	73,39	1,91	6,60	0,93
<b>4</b>	52,38	1,37	5,06	0,93
<b>5</b>	125,96	3,28	10,03	0,94
<b>6</b>	90,27	2,35	8,30	0,95
<b>7</b>	68,68	1,79	7,48	0,97
<b>8</b>	26,72	0,69	1,83	0,94
<b>9</b>	6,24	0,16	1,04	0,99

O espaçamento uniforme dos dados pode não oferecer os melhores resultados para o ajuste da função polinomial, ocorrendo o chamado “fenômeno de Runge” que descreve os erros de uma aproximação polinomial e que estes erros estão predominantemente nos extremos da curva (de BOOR, 2001). Então espera-se que esquemas que utilizam funções polinomiais com poucas informações em idades maiores do que nas idades iniciais apresentem estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos erráticas ou implausíveis (MEYER, 2005b).

Em esquemas que se utilizaram de menor número de pesos corporais ao fim da curva, como os esquemas 1, 2 e 5 apresentaram maiores QMEP, PQV e DMA e menores correlações de valores genéticos com o esquema que contém todos os registros semanais. Os resultados obtidos podem ser atribuídos ao menor número de observações, com a aproximação do final da curva, o que pode dificultar a partição da variância total nas proporções corretas para cada efeito aleatório (SOUSA et al., 2008).

Para a população UFV-2 os resultados foram bem similares, com melhores indicadores para esquemas com mais informações no extremo final da curva de crescimento.

## **Conclusão**

A redução no número de pesagens de codornas de corte na fase de crescimento é viável, sendo as estimativas de valores genéticos pouco alteradas quando analisados quatro registros de peso corporal por meio de modelos de regressão aleatória.

Maiores correlações e menores distâncias entre valores estimados por esquemas alternativos em relação ao esquema com registros completos foram obtidos quando utilizadas informações próximas à extremidade final da curva. Além da primeira (nascimento) e última (sexta semana) pesagens, das duas remanescentes, uma teria de ser na quinta semana.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

ARAUJO, S.I.; REGAZZI, A.J.; ARAUJO, C.V. et al. Variance component estimation with longitudinal data: a simulation study with alternative methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9 , p. 202-209, 2009.

BONAFÉ, C.M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 49p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, 2008.

BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura**. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 1993. 102p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Pelotas, 1993.

de BOOR, C. **A practical guide to splines**. Springer Series in Applied Mathematics, v. 27, Springer Verlag, New York, 2nd edn., 2001.

MEYER, K. Advances in methodology for random regression analysis. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-858, 2005a.

MEYER, K. Random regression analysis using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetic Selection Evolution**,v.37, p. 473-500, 2005b.

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

MISZTAL, I.; STRABEL, T.; JAMROZIK, J. et al. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.1125–1134, 2000.

NOBRE, P.R.C. **Analyses of sequential weights of nellore cattle using multiple trait and random regression models**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 137p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, 2001.

POOL, M. H.; MEUWISSEN T.H.E. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. **Livestock Production Science**, v.64, p.133–145. 2000.

SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2007.

SOUSA, J.E.R.; SILVA, M.A.; SARMENTO, J.L.R. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória sobre o crescimento de caprinos Anglo-Nubianos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.12, p.1725-1732, 2008.

TORAL, F.L.B. Número e intervalo de pesagens para estimação de parâmetros de curvas de crescimento em bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.12, p.2120-2128, 2008.

## CONCLUSÕES GERAIS

A seleção baseada em pesos corporais na fase de crescimento de codornas de corte deve ser preferencialmente em idades precoces pois são correlacionadas com peso de abate e possuem pouco efeito sobre a produção e qualidade de ovos.

Ao avaliar esquemas alternativos de pesagens, ficou estabelecido que é suficiente apenas quatro pesagens para determinação do valor genético sem perda de precisão na avaliação genética de codornas de corte. Além da primeira (nascimento) e última (sexta semana) pesagens, das duas remanescentes, uma seria na quinta semana.