

GLAUCYANA GOUVÊA DOS SANTOS

**AVALIAÇÃO DA TRAJETÓRIA GENÉTICA E DA SENSIBILIDADE
DOS VALORES GENÉTICOS ÀS MUDANÇAS DO NÍVEL
NUTRICIONAL DA DIETA EM DOIS GRUPOS DE CODORNAS DE
CORTE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para obtenção do grau de Doutor em Zootecnia, área de concentração Genética e Melhoramento Animal.

Orientador: Prof. Martinho de Almeida e Silva

Santos, Glaucyana Gouvêa dos, 1982-

S237a **Avaliação da trajetória genética e da sensibilidade dos valores genéticos às mudanças do nível nutricional da dieta em dois grupos de codornas de corte / Glaucyana Gouvêa dos Santos. – 2010.**

58 p. : il.

Orientador: Martinho de Almeida e Silva

Co-orientadores: Gerusa da Silva Salles Corrêa, Nelson Carneiro Baião

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária

Inclui bibliografia

1. Codorna – Aspectos genéticos – Teses. 2. Codorna – Aspectos ambientais – Teses. 3. Genética animal – Teses. 4. Dieta em veterinária – Teses. I. Silva, Martinho de Almeida e. II. Corrêa, Gerusa da Silva Salles. III. Baião, Nelson Carneiro. IV. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. V. Título.

CDD – 636.082 1

Tese defendida e aprovada em 27 de agosto de 2010 pela Comissão Examinadora constituída por:

Prof. Martinho de Almeida e Silva
(Orientador)

Prof. Jonas Carlos Campos Pereira

Prof^a. Ângela Maria Quintão Lana

Prof. Ricardo Frederico Euclides

Dr. Miguel Hourí Neto

*“Em nós, há qualquer coisa
de eterno e inconfundível, que se
imprime no sorriso, no olhar, no
pensamento...”*

Teixeira de Pascoaes

*Ao Marco Antônio,
com muito amor,
DEDICO*

“Todas as coisas têm seu tempo, e todas elas passam sob o céu, segundo o tempo que a cada uma foi prescrito... Há tempo de plantar e tempo de colher o que se plantou.”
(Eclesiastes, Capítulo III – 1;2)

Agradeço...

À Deus, por conhecer bem o meu coração e meus caminhos.

Aos meus pais que na simplicidade ensinaram-me os valores da vida. Ao meu pai, Sebastião, por ser minha fortaleza. À minha mãe, Ana Maria, por sua incansável dedicação. À minha irmã, Chris, por todo zelo e doçura.

Ao Prof. Martinho de Almeida e Silva, pela orientação, amizade e ensinamentos para toda a vida.

Ao Marco Antônio, com todo meu amor e gratidão, pela compreensão, presença e apoio inestimáveis. Quero crescer e sonhar sempre ao seu lado. Agradeço também à sua família pelo apoio e carinho, especialmente, ao Guilherme por sua luz.

À Prof^ª. Geresa Corrêa, pelos conhecimentos transmitidos desde a graduação e à valiosa amizade, e agradeço também ao seu marido Prof. André Corrêa.

Ao Prof. Miguel Houri, pelos conselhos preciosos e por vivenciar mais esta conquista.

Aos Profs. Ângela Lana, José Aurélio Bergmann, Jonas Pereira, Ricardo Euclides, Robledo Torres pela contribuição para minha formação e valiosas sugestões neste trabalho.

Aos queridos amigos do melhoramento, Vivian, Luciana, Fernanda, Natascha, Bruno, Raphael, Eduardo, pela doce convivência, e ajuda em todos os momentos. Aos alunos de iniciação científica e do grupo de melhoramento.

Às doces amigas que conheci na pós-graduação e que moram no meu coração Tatiana (e meus sobrinhos lindos!), Ana Luísa, Luísa, Glenda, Isabela, Letícia Caldeira e Fernanda Ferreira.

Às preciosas amigas conquistadas, Júlia, Marília, Mariana Resende e André Machado.

Às queridas amigas Tatiana Pontes, Luciana Drummond, Joseana Silveira, Déborah Tolentino, Izabella Hergot, Lívia Pieroni, pelo carinho. À Yara, eterna professora, Júnia, e minha querida madrinha Therezinha Mucci, por serem pessoas tão lindas e estarem sempre presentes.

À todos os professores do Departamento de Zootecnia e da Escola de Veterinária que contribuíram para o meu crescimento e amadurecimento. Em especial, aos Profs. Nelson Baião, Fernando Henrique Madalena, pelos conselhos e conhecimentos concedidos.

Aos indispensáveis funcionários da Pós-Graduação, Heloísa, Paula, Marcos e Pedro, da editora, Cláudia e Eliana, da Fazenda de Igarapé e do Xerox, por toda ajuda e paciência.

Ao CNPq pela bolsa de estudo concedida desde a graduação.

Cada pessoa que passa em nossa vida é única e incomparável, por isso, agradeço a todos que de alguma forma fizeram parte de mais essa vitória!

SUMÁRIO		
	RESUMO GERAL	09
	GENERAL ABSTRACT	10
CAPÍTULO 1 -		
1.	INTRODUÇÃO	11
2.	REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1.	Avaliação de características longitudinais	12
2.1.1.	Modelo repetibilidade.....	12
2.1.2.	Modelo multicaracterísticas.....	13
2.1.3.	Modelo de regressão aleatória.....	15
2.1.3.1.	Componentes de variância e covariância.....	17
2.1.3.2.	Herdabilidade.....	18
2.1.3.3.	Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente permanente.....	19
2.2.	Interação genótipo x ambiente.....	21
2.2.1.	Metodologias de análise da interação genótipo x ambiente.....	23
2.2.1.1.	Modelo de normas de reação.....	24
3.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29
CAPÍTULO 2 –	Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória	
	RESUMO.....	39
	ABSTRACT.....	39
1.	INTRODUÇÃO.....	40
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
4.	CONCLUSÕES.....	44
5.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	45
CAPÍTULO 3 -	Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas	
	RESUMO.....	47
	ABSTRACT.....	47
1.	INTRODUÇÃO.....	48
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	48
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	51
4.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55
	CONCLUSÕES GERAIS	57
	IMPLICAÇÕES	58

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2

Tabela 1 -	Número de fêmeas utilizadas e de codornas pesadas até o final do período para os dois grupos genéticos, em cada geração.....	41
Tabela 2 -	Variâncias genética aditiva e de ambiente permanente, e herdabilidades dos pesos corporais em codornas de corte dos grupos genéticos EV1 e EV2.....	42
Tabela 3 -	Correlações genéticas, de efeitos permanentes e fenotípicas entre pesos corporais nas diversas idades, para os grupos genéticos EV1 e EV2.....	43
Tabela 4 -	Correlações de posto entre os parâmetros das regressões aleatórias, obtidas para os dois grupos genéticos.....	44

CAPÍTULO 3

Tabela 1 -	Composição das dietas experimentais de codornas alimentadas com dietas únicas do nascimento ao 42º dia de idade.....	49
Tabela 2 -	Descrição dos arquivos contendo pesos de codornas das linhagens EV1 e EV2 no 21º e 42º dias de idade.....	49
Tabela 3 -	Componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0) e linear (b_1) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis proteicos da dieta e variâncias residuais estimados para as linhagens EV1 e EV2 no 21º e 42º dias de idade.....	51

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 3

Figura 1 -	Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente no 21º e 42º dias para linhagens EV1 e EV2 (a: EV1-21 dias; b: EV1- 42 dias; c: EV2- 21 dias; d: EV2-42 dias).....	52
Figura 2 -	Estruturas de covariância (kg^2) do efeito genético aditivo direto em função do nível proteico da dieta estimadas no 21º e 42º dias, para as linhagens EV1 e EV2 (a: EV1-21 dias; b: EV1- 42 dias; c: EV2- 21 dias; d: EV2-42 dias).....	53
Figura 3 -	Herdabilidades diretas estimadas para pesos no 21º e 42º dias de idade para as linhagens EV1 e EV2, em função do nível proteico da dieta (a- EV1-21 dias; b- EV1- 42 dias; c- EV2- 21 dias; d- EV2-42 dias).....	53

RESUMO GERAL

Experimentos distintos foram realizados para a coleta de dados de dois grupos genéticos de codornas de corte, EV1 e EV2, para estudar a trajetória genética do crescimento e avaliar a sensibilidade de valores genéticos dessas aves à variação de ambiente, por intermédio dos modelos de regressão aleatória. Primeiramente, foi avaliada a trajetória genética do crescimento de codornas de corte de dois grupos genéticos, por meio de modelos de regressão aleatória, sob modelo animal, obtendo-se estimativas de parâmetros genéticos visando definir a idade que resultaria em maior resposta à seleção. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se a sub-rotina DXMRR do DFREML, a partir de dados obtidos em três gerações de seleção das codornas. Os valores mais altos de herdabilidade foram encontrados para peso corporal ao 42º dia de idade, sendo que o grupo genético EV1 (0,50) apresentou maiores estimativas em relação ao EV2 (0,10). As correlações genéticas entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais, em ambos os grupos, foram de modo geral negativas, e as correlações de ambiente permanente maiores para EV2. A seleção dentro do grupo genético EV1 poderia ser realizada em idades mais jovens, exceto para peso ao nascimento, no entanto, para o grupo genético EV2, a seleção poderia ser feita aos 42 dias de idade, mas apresentando baixa resposta à seleção. O segundo estudo avaliou a sensibilidade de valores genéticos de duas linhagens de codornas de corte, EV1 e EV2, às mudanças de níveis proteicos das dietas (24 a 30%), utilizando-se modelos de regressão aleatória. As codornas com maior valor genético aditivo para peso no ambiente médio (nível proteico igual a zero em uma escala de -1 a 1) responderam positivamente ao aumento do nível proteico da dieta, sendo mais importante para a linhagem EV2 e de pouca expressão para a linhagem EV1, no 21º dia de idade. Codornas EV2 apresentaram aumento de dispersão dos valores genéticos em função do nível proteico em ambas as idades (21 e 42 dias), indicando a presença de interação genótipo ambiente, enquanto para as codornas da linhagem EV1 foi detectada a existência de interação apenas na segunda idade avaliada. As herdabilidades estimadas apresentaram alta variação e maior magnitude para maiores níveis de proteína bruta na dieta, indicando maior resposta à seleção para esses níveis, exceto a linhagem EV1 no 21º dia de idade. Avaliações genéticas realizadas para codornas alimentadas com dietas contendo determinado nível proteico não permitiriam a predição de valores genéticos válidos para outros níveis proteicos das dietas, à exceção da linhagem EV1, no 21º dia de idade.

Palavras-chave: codorna de corte, interação genótipo x ambiente, norma de reação, parâmetros genéticos, trajetória de crescimento

GENERAL ABSTRACT

Two experiments were carried out with quail meat type lines EV1 and EV2 to evaluate the genetic trajectory and sensitivity of genetic values to changes in the nutritional levels of diets. Initially growth genetic trajectories were evaluated using random regression model, under animal model and genetic parameters estimates were obtained to establish the most adequate age for quail selection. Genetic parameter estimates were obtained using Dxmrr subroutine of the DFReml software using records from three generations of selection. For both genetic lines highest heritability estimates were obtained for body weight at 42 days of age, and genetic correlations between body weight at hatch and body weights recorded in other ages were all negatives and permanent environment correlation estimates were higher for EV2 genetic line. The results suggest that selection to increase body weight for EV1 line would be more efficient when undertaken at earlier ages, but for EV2 line the selection could be undertaken at 42 days of age with low response. The second study evaluated the sensitivity of genetic values of EV1 and EV2 meat type strains to changes in crude protein levels of diets (24 to 30%), using random regression models. Quails showing higher body weight genetic value in the average environment (crude protein level equal to zero in a scale varying from -1 to 1) respond positively to an increase in crude protein level of diet, this change is more important for EV2 quails (higher slope) and of small magnitude for EV1 quails at 21 days of age. EV2 quails at 21 and 42 days of age showed remarked increase in the dispersion of breeding values as crude protein level increased in the diets, suggesting a genotype x protein level of diet interaction, while the EV1 quails showed this interaction effect only at 42 days of age. Genetic evaluations of quails fed specific diet crude protein level do not allow predictions of valid breeding values for quails fed other crude protein level of diet, except for EV1 quails at 21 days of age.

Keywords: genetic parameter, genotype x environment interaction, growth trajectory, meat type quail, reaction norm

CAPÍTULO 1

1- Introdução

A produção comercial de codornas de corte constitui excelente atividade produtiva por requerer pequenas áreas, pouca mão de obra, baixos investimentos e rápido retorno de capital. O desenvolvimento da atividade é viável economicamente tanto para pequenos produtores quanto para grandes empresas avícolas. As codornas, que são altamente produtivas e apresentam carne de excelente qualidade e palatabilidade, são comercializadas como produto exótico e de alto valor agregado em diversos países.

Há predomínio das criações de codornas poedeiras no Brasil e a maior parte da carne comercializada é proveniente do descarte de machos e fêmeas ao término do ciclo produtivo, constituindo-se em atividade secundária realizada no mercado.

O crescente interesse pela produção de codornas de corte tem incentivado o desenvolvimento de estudos em diferentes áreas, destacando-se a nutrição e o melhoramento genético, que, apesar de ainda incipientes podem contribuir para a consolidação desta exploração como fonte de renda. A obtenção de material genético de qualidade depende de programas de melhoramento genético fundamentados em estimadores acurados e precisos de parâmetros genéticos. Quanto melhores forem as informações a respeito da estrutura de variância-covariância genética das características avaliadas no período produtivo de codornas de corte, mais eficientes serão os resultados dos programas de melhoramento genético.

Além disto, é de interesse determinar se o material genético de alta qualidade obtido no programa de seleção apresentará desempenho satisfatório em diferentes ambientes. Informações dessa natureza, ou seja, a interação genótipo x ambiente, são importantes também para nortear os programas de melhoramento genético. Quando não existe esta interação, os programas de seleção de codornas de corte poderiam ser realizados com dietas contendo níveis nutricionais diferentes daqueles utilizados em explorações comerciais, o que poderia diminuir os custos desses programas.

Informações a respeito da estrutura de variância-covariância genética das características de codornas de corte ao longo do período produtivo, bem como a respeito da sensibilidade dos valores genéticos às mudanças do nível nutricional das dietas, são ainda escassas na literatura.

A utilização de modelos de regressão aleatória é alternativa interessante na análise de dados longitudinais, ou seja, do conjunto de observações provenientes de várias medidas tomadas em um mesmo indivíduo ao longo do tempo. Estes modelos possibilitam o estudo de trajetória genética do crescimento de codornas de corte e estimativa da estrutura de variâncias-covariâncias genética e fenotípica da característica, bem como de herdabilidade do peso para qualquer idade e correlações genéticas entre pares de idade dentro do período de crescimento avaliado. Estes modelos podem, também, ser utilizados para avaliação da sensibilidade dos valores genéticos às mudanças no nível nutricional da dieta estabelecendo-se, portanto, a importância da interação genótipo x ambiente em codornas de corte.

Desta forma, objetivou-se com a realização de dois experimentos avaliar, mediante modelos de regressão aleatória, trajetórias genéticas do peso em função da idade (trabalho publicado no Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.60, n.2, p.454-460, 2008, apresentado no segundo capítulo) e investigar a presença da interação genótipo x nível de proteína bruta da dieta, em duas linhagens de codornas de corte (trabalho publicado no Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008, apresentado no terceiro capítulo desta tese).

2- Revisão de literatura

2.1 - Avaliação de características longitudinais

Os dados obtidos a partir de múltiplas mensurações sobre a mesma unidade experimental ou indivíduo, são denominados medidas repetidas (Littel et al., 1996). Essas medidas frequentemente referem-se a dados longitudinais, isto é, medidas repetidas nas quais as observações são ordenadas ao longo de uma dimensão específica, pelo tempo ou posição no espaço. Em diferentes espécies avícolas é possível o estudo de características longitudinais relacionadas à produção de ovos ou carne, peso, ganhos de peso, conversão alimentar, etc.

As características longitudinais podem ser representadas por um conjunto infinito de pontos em diferentes idades, altamente correlacionadas (Meyer e Hill, 1997), porém a correlação entre essas medidas diminui quando o espaço de tempo entre elas aumenta (Albuquerque, 2004).

Segundo Van der Werf e Schaeffer (1997), este tipo de característica merece tratamento estatístico especial, uma vez que o padrão de covariâncias entre medidas repetidas é bem estruturado e, para que se possam fazer inferências sobre este tipo de dados, é importante modelar esta estrutura de covariâncias.

Dependendo das características envolvidas na avaliação genética e da estrutura dos dados, diferentes modelos são utilizados para a predição dos valores genéticos dos indivíduos (Martins et al., 1997). De acordo com Valente (2007), existem modelos com base nas equações de modelos mistos que têm sido utilizados para avaliação genética de características desta natureza. Estes modelos permitem a obtenção dos melhores preditores lineares não viesados (BLUP) correspondentes aos valores genéticos dos animais avaliados. Dentre os vários modelos de avaliação, destacam-se os modelos repetibilidade, multicaracterísticas e, mais recentemente, os modelos de regressão aleatória.

2.1.1 - Modelo repetibilidade

O método mais simplificado de análise dos dados longitudinais é por meio do modelo repetibilidade, onde se assume que todas as medidas representam a mesma característica.

Neste modelo, pressupõe-se que a correlação entre as medidas repetidas seja igual à unidade, portanto, todas as covariâncias genéticas e fenotípicas entre as diferentes medidas apresentam a mesma magnitude; ou seja, os mesmos genes controlam o desempenho ao longo da vida do animal (Albuquerque, 2004). Desta maneira, o valor genético aditivo do animal é constante para todas as idades, bem como o efeito permanente de ambiente.

O modelo repetibilidade permite prever não apenas o valor genético dos animais, mas também os efeitos temporários de ambiente. Este modelo, em notação matricial, é descrito da seguinte maneira:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + e;$$

em que y é o vetor das observações, b é o vetor dos efeitos fixos, a é o vetor dos valores genéticos aditivos diretos, p é o vetor de efeito de ambiente permanente dos animais que possuem observações e e é o vetor dos resíduos. As matrizes X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência que associam observações a níveis particulares dos efeitos fixos e aleatórios genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

No presente modelo, Z não é igual à matriz identidade, pois observações obtidas em diferentes idades de um animal avaliado são atribuídas à mesma coluna. Além disso,

$$\begin{aligned}
 a &\sim N(\phi, A\sigma_a^2) \\
 p &\sim N(\phi, I\sigma_p^2) \\
 e &\sim N(\phi, R)
 \end{aligned}
 \quad
 V \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & \phi & \phi \\ \phi & I\sigma_p^2 & \phi \\ \phi & \phi & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright, I é matriz identidade de ordem igual ao número de animais com observações; σ_a^2 e σ_p^2 são componentes de variância genético aditivo direto e de ambiente permanente.

Os modelos repetibilidade são utilizados, frequentemente, por serem mais simples, já que exigem requerem menor número de parâmetros e esforço computacional. No entanto, as premissas do modelo são pouco realistas por razões que se seguem.

A pressuposição de variância constante não é válida à medida que as variâncias individuais podem se modificar ao longo de tempo (Meyer e Hill, 1997). É possível que um animal, ao longo de sua vida, assuma diferentes classificações em avaliações genéticas distintas da característica avaliada ao longo do período produtivo em relação a outros animais. Isso ocorre porque o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica pode variar em diferentes idades do animal. Assim, a correlação genética entre medidas repetidas seria menor que a unidade. Além disto, não é adequado assumir que o efeito de ambiente seja o mesmo para todas as idades. O efeito de ambiente permanente pode não estar presente em todas as mensurações e ainda poderia se acumular ao longo do tempo.

2.1.2 - Modelo multicaracterísticas

Quando duas ou mais características são consideradas o modelo multicaracterísticas constitui metodologia adequada para a avaliação genética. Nos modelos multicaracterísticas cada medida, ao longo da vida de um animal, é considerada como uma característica distinta. Este modelo considera simultaneamente as associações entre todas as características.

Este modelo é extensão daquele utilizado para a obtenção de BLUPs de valores genéticos para uma característica (Henderson, 1976). O modelo utilizado é:

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i,$$

ou para t características:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \phi & \cdots & \phi \\ \phi & X_2 & \cdots & \phi \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \phi & \phi & \cdots & X_t \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_t \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \phi & \cdots & \phi \\ \phi & Z_2 & \cdots & \phi \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \phi & \phi & \cdots & Z_t \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_t \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_t \end{bmatrix};$$

em que y_i é o vetor de observações, b_i é o vetor dos efeitos fixos, a_i é o vetor dos valores genéticos aditivos; X_i e Z_i são as matrizes de incidência dos efeitos de b_i e a_i no vetor de observações y_i , e e_i é o vetor dos resíduos associados às observações y_i . Cada um deles atribuídos especificamente à característica i , $i=1, \dots, t$. Importante diferença entre os modelos unicaracterística e multicaracterísticas pode ser observada nas seguintes pressuposições:

$$\begin{aligned}
 a_i &\sim N(\phi, A\sigma_a^2) \\
 e_i &\sim N(\phi, I\sigma_e^2)
 \end{aligned}$$

$$V \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_t \\ e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{a_1a_2} & \cdots & A\sigma_{a_1a_t} & \phi & \phi & \phi & \phi \\ A\sigma_{a_2a_1} & A\sigma_{a_2}^2 & \cdots & A\sigma_{a_2a_t} & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \phi & \phi & \phi & \phi \\ A\sigma_{a_t a_1} & A\sigma_{a_t a_2} & \cdots & A\sigma_{a_t}^2 & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \phi & \phi & \phi & \phi & I\sigma_{e_1}^2 & I\sigma_{e_1e_2} & \cdots & I\sigma_{e_1e_t} \\ \phi & \phi & \phi & \phi & I\sigma_{e_2e_1} & I\sigma_{e_2}^2 & \cdots & I\sigma_{e_2e_t} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \phi & \phi & \phi & \phi & I\sigma_{e_t e_1} & I\sigma_{e_t e_2} & \cdots & I\sigma_{e_t}^2 \end{bmatrix};$$

em que $\sigma_{a_i a_t}$ e $\sigma_{e_i e_t}$ são componentes de covariância genética aditiva direta e residual entre as características i e t .

Nos modelos unicaracterísticas avalia-se o valor genético de cada característica em uma idade padrão não se levando em consideração a covariância genética existente entre idades, o que pode comprometer a qualidade da avaliação (Schaeffer, 2001).

Quando as observações são coletadas em um intervalo de idades há necessidade de ajustá-las para uma idade-padrão, tanto no modelo multicaracterísticas quanto no modelo repetibilidade. Se a observação estiver distante em relação à idade-padrão, a estimativa do dado ajustado pode não ser fidedigna ao valor real. Neste caso, poder-se-ia optar pelo descarte desses dados ao invés do ajustamento. Tanto os ajustes quanto a eliminação de observações afetam a qualidade dos dados, e diminuem assim, a acurácia da avaliação genética.

O modelo multicaracterística adota uma matriz de covariâncias sem restrições, ou seja, as covariâncias são não estruturadas, assumindo-se que a produção em cada idade padronizada é uma característica diferente. Desse modo, ao contrário do modelo repetibilidade, o valor genético aditivo dos animais não seria necessariamente o mesmo para todas as idades.

No modelo multicaracterística as covariâncias entre as produções nas diversas idades variam e as correlações genéticas podem assumir valores menores que a unidade. Portanto, este modelo permite a avaliação simultânea de duas ou mais características, considerando as covariâncias genéticas e de ambiente entre elas, além de fornecer todas as correlações existentes. As informações de uma característica podem ser utilizadas na avaliação de outra, aumentando-se a acurácia das avaliações. Isto é particularmente importante em características altamente correlacionadas e de baixa herdabilidade.

Em análises genéticas, o número de parâmetros a ser estimado é equivalente a $[t(t+1)n]/2$, em que t é o número de características ou medidas repetidas por indivíduo e n é o número de componentes de variância estimados por característica (Meyer e Hill, 1997). Análises desta natureza baseiam-se em modelos muito parametrizados com número elevado de componentes de covariância para descrever a variação genética, além da formação de matrizes e sistemas de equação de grandes dimensões, exigindo mais recursos computacionais.

Se a avaliação fosse realizada utilizando o modelo unicaracterística não seria possível o uso simultâneo de todas as informações de cada característica avaliada, e as correlações estabelecidas entre todas as características poderiam levar à obtenção de componentes de covariância diferentes dos valores estimados.

Muitos pesquisadores utilizam os modelos repetibilidade para a estimação de parâmetros genéticos por ser alternativa mais simples na análise de dados longitudinais. Embora os modelos multicaracterísticas pareçam mais corretos por permitirem estimativas de correlações distintas entre as medidas, apresentam a desvantagem de serem superparametrizados, ou seja, há excesso de parâmetros quando são utilizadas informações de várias idades. Além disto, neste modelo, a matriz de covariâncias não é estruturada, podendo não ser a mais desejável quando as medidas são tomadas ao longo de uma trajetória.

2.1.3 - Modelo de regressão aleatória

Os modelos de regressão aleatória têm sido propostos para análise de dados longitudinais, ou seja, conjunto de observações provenientes de várias medidas tomadas em um mesmo indivíduo ao longo do tempo.

Estes modelos não predizem valores genéticos em uma idade-padrão, e sim coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo de cada animal em determinada característica em função do tempo (idade). Em outras palavras, o modelo prediz, para cada indivíduo avaliado, a trajetória genética aditiva de crescimento, representada pelos coeficientes de regressão genéticos aditivos atribuídos a cada indivíduo (Valente, 2007).

Os modelos de regressão aleatória foram introduzidos por Henderson Jr. (1982) e Laird e Ware (1982). Sua aplicação inicial em melhoramento animal foi sugerida por Schaeffer e Dekkers (1994) na análise de dados de produção de vacas leiteiras no dia do controle, modelando curvas individuais. Além de curvas de lactação, esses modelos são comumente utilizados para predição de normas de reação, curvas de crescimento, ou curvas de produção de ovos.

Kirkpatrick e Heckman (1989) introduziram o conceito de características de “dimensão infinita” para modelar as características que são descritas por função contínua (e, conseqüentemente, por infinitos pontos) e não por um conjunto finito de mensurações; quando a variável ambiental está continuamente distribuída, cada genótipo é capaz de expressar, teoricamente, um número infinito de fenótipos. Como exemplo de características de dimensão infinita, os autores citam a trajetória de crescimento de um animal em função de sua idade, uma vez que existem infinitos pontos dentro do intervalo de idade considerado.

Meyer (1998) mostrou que um modelo de função de covariância é equivalente a um modelo de regressões aleatórias em função da idade (tempo) como covariáveis. Segundo a mesma autora, ajustando-se um modelo de regressão aleatória, assume-se, implicitamente, determinada estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão que pode ser caracterizado por uma função de covariâncias.

Deste modo, essas propostas convergem e o modelo de função de covariância descrito por Kirkpatrick et al. (1990) é equivalente a um caso especial de regressão aleatória como demonstrado por Meyer (1998). Os coeficientes das funções de covariâncias podem ser estimados diretamente do modelo de regressão aleatória, usando máxima verossimilhança restrita.

Em notação matricial o modelo acima pode ser descrito como:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + e;$$

em que y é o vetor de observações, b o vetor de efeitos fixos (incluindo a curva de regressão fixa para modelar a trajetória populacional), a o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos diretos de cada animal avaliado, p o vetor com os coeficientes de ambiente permanente atribuído a cada animal com observações; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência correspondentes e e o vetor de resíduos.

Ajustando-se um modelo de regressão dos efeitos aleatórios em função da idade, assume-se determinada matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão (Albuquerque, 2004), cujos componentes podem ser determinados por REML (Máxima Verossimilhança Restrita). Para k coeficientes de regressão utilizados para modelar os efeitos aleatórios do modelo descrito, admite-se que:

$$V \begin{bmatrix} a_0 \\ a_1 \\ \vdots \\ a_k \\ p_0 \\ p_1 \\ \vdots \\ p_k \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{a_0}^2 & \sigma_{a_0 a_1} & \cdots & \sigma_{a_0 a_k} & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \sigma_{a_1 a_0} & \sigma_{a_1}^2 & & & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \vdots & & \ddots & & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \sigma_{a_k a_0} & & & \sigma_{a_k}^2 & \phi & \phi & \phi & \phi \\ \phi & \phi & \phi & \phi & \sigma_{p_0}^2 & \sigma_{p_0 p_1} & \cdots & \sigma_{p_0 p_k} \\ \phi & \phi & \phi & \phi & \sigma_{p_1 p_0} & \sigma_{p_1}^2 & & \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \ddots & \\ \phi & \phi & \phi & \phi & \sigma_{p_k p_0} & & & \sigma_{p_k}^2 \end{bmatrix};$$

em que a_i e p_i são coeficientes de regressão aleatória de ordem i $[1,k]$ atribuídos aos efeitos genéticos aditivos diretos e de ambiente permanente, respectivamente.

Os modelos de regressão aleatória têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais por permitirem ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, descrevendo os desvios genéticos a partir de regressões fixas, possibilitando que cada animal tenha uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos (Mercadante et al., 2002; Jamrozik et al., 1997). Esses modelos permitem o melhor uso e ajustamento dos dados, pois todas as medidas do animal e seus parentes são utilizadas para avaliação aumentando-se assim a acurácia de seleção.

O principal atributo deste modelo é que, além de fazer melhor uso das informações disponíveis, inclui uma função aninhada dentro de um efeito aleatório, o que permite que os componentes de variância se modifiquem ao longo de uma trajetória (Kolmodin, 2003). Aplicada ao melhoramento animal a função é aninhada dentro dos indivíduos, modelando os desvios individuais a partir de uma regressão fixa da característica sobre uma variável explanatória (Jamrozik et al., 1997). A função de regressão aleatória normalmente descreve o efeito genético aditivo, modelando o desvio genético a partir de uma regressão fixa, e às vezes, representa um efeito de ambiente permanente (Kolmodin, 2003).

Os coeficientes podem ser utilizados para obtenção dos valores genéticos de desempenho em tempo, idade ou ambiente específico, durante um intervalo, e também, para a estabilidade do desempenho (Jamrozik et al., 1997). Assim, quando há variação genética para os coeficientes de regressão aleatória, é possível modificar por meio de seleção não somente o desempenho em um ponto específico, mas também o padrão de desempenho (Huisman, 2002).

Na abordagem usual do modelo multicaracterístico a medida de escala contínua é dividida em intervalos arbitrários e faz-se o ajuste para medidas tomadas fora do período/idade estipulado e é estimada apenas uma curva para todos os animais avaliados. Já no modelo repetibilidade assume-se que as variâncias genéticas são as mesmas para todos os níveis da covariável controle – idade, ambiente, dia do controle – (Felipe, 2010). Os modelos de regressões aleatórias consideram, porém, a mudança gradual e contínua dos parâmetros de covariância em função da idade, o que elimina a necessidade de padronização de idades e de ajustes (Robbins, et al., 2005). Os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer ponto desejado na escala de tempo utilizada e para funções da curva.

Com observações em muitos pontos, existe uma vantagem computacional deste modelo, em que poucos parâmetros precisam ser estimados (Meyer e Hill, 1997; Van der Werf et al., 1998). A característica é descrita em todos os pontos ao invés de um número fixo de pontos (Kirkpatrick e Heckman, 1989) e as medidas estabelecidas em qualquer idade ou ambientes podem ser usadas sem a necessidade de ajustamento em direção a um ponto fixo (Meyer e Hill, 1997; Huisman, 2002). A resposta à seleção pode ser predita de forma mais acurada porque os componentes de variância são mais acurados e, é considerada a resposta direta e correlacionada em todos os pontos ao longo da trajetória, não apenas os pontos com observação (Kirkpatrick e Heckman, 1989).

Os modelos de regressão aleatória abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, possibilitando predizer o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo (Kirkpatrick e Heckman, 1989) e permitem a estimação de curvas de crescimento

individuais considerando o parentesco existente entre os animais. Outra vantagem é a possibilidade de calcular as variâncias para cada idade e as covariâncias entre quaisquer pares de idades. Kirkpatrick et al. (1990) afirmaram que nos modelos de regressão aleatória as variâncias e covariâncias podem ser estimadas de forma mais suave e menos viesada comparados aos modelos multicausalistas.

Os modelos de regressão aleatória podem ser aplicados na avaliação genética resultando em maior acurácia com relação ao modelo multicausalista e repetibilidade (Meyer, 2004).

A eficiência do modelo na avaliação genética foi relatada por Meyer (2004), ao comparar modelos de regressões aleatórias aos modelos multicausalistas na avaliação genética para características de crescimento em bovinos de corte. Os modelos de regressões aleatórias apresentaram acurácias, medidas pela correlação entre valores simulados e estimados, de 5,7 a 8,3% maiores que as obtidas com os modelos multicausalistas. De acordo com a autora, esta vantagem pode ser atribuída à melhor modelagem das variâncias e a outros parâmetros genéticos fornecidos pelos modelos de regressão aleatória.

O aproveitamento efetivo dos dados disponíveis é importante, pois o registro destas informações é um processo oneroso, que requer tempo, recursos humanos e financeiros nas etapas de criação dos animais, coleta dos dados no campo e posterior armazenamento em arquivos (Sakaguti, 2000). Segundo Valente et al. (2008), a abordagem descontínua de uma característica que se expressa continuamente em uma trajetória, por exemplo, de idade, pode comprometer a acurácia de seleção. O melhor aproveitamento qualitativo e quantitativo das informações apresenta impacto positivo na acurácia das avaliações (Albuquerque, 2004; Bertrand et al., 2006).

Apesar dos modelos repetibilidade e multicausalistas apresentarem algumas restrições, ainda são utilizados na estimação de parâmetros genéticos (Bignardi et al., 2008; Boligon et al., 2009). Os modelos de regressão aleatória constituem em alternativa recente àqueles modelos, no entanto, não têm sido empregados em programas nacionais de avaliação genética em razão do grande número de animais envolvidos e, conseqüentemente, às exigências computacionais (Albuquerque, 2004). Nobre et al. (2003a) não verificaram propriedades vantajosas dos modelos de regressão aleatória sobre os modelos tradicionais quanto a estimação das DEPs em avaliações genéticas de bovinos de corte.

Mais recentemente, as regressões aleatórias têm sido empregadas para estimação de parâmetros genéticos, em bancos de dados não muito extensos, para uma variedade de características tais como produção de leite e/ou seus constituintes (Schaeffer e Dekkers, 1994; Jamrozik e Schaeffer, 1997; Jamrozik et al., 1997; Van der Werf et al., 1998; Lin e Togashi, 2002; Costa et al., 2005; Dionello et al., 2006b), em caprinos leiteiros (Sarmiento et al., 2008), características de crescimento em ovinos (Sarmiento et al., 2006), para descrição de curva de crescimento de suínos (Anderson e Pedersen, 1996), de gado de corte (Varona et al., 1997; Meyer, 2001; Meyer, 2002) e de peixes (Mckay et al., 2002). Os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados, também, para modelar registros diários de produção de diversas espécies e no estudo da interação genótipo x ambiente.

2.1.3.1 - Componentes de variância e covariância

As características de importância econômica, normalmente, são poligênicas, e nos programas de melhoramento genético, os animais são avaliados por intermédio de seu desempenho (valor fenotípico). O valor fenotípico de determinada característica, medida no animal, é resultado do patrimônio genético (genótipo) que o animal possui somado aos efeitos do ambiente e aos efeitos da interação genótipo x ambiente.

Na avaliação genética busca-se identificar indivíduos portadores de genes desejáveis, de forma que, quando usados na reprodução, os transmitam à próxima geração. Como não é possível medir o valor genético diretamente, e sim o valor fenotípico, utiliza-se das técnicas de estimação. A predição dos valores genéticos é diretamente dependente dos componentes de variância e covariância das características de interesse econômico, sendo fundamentais no melhoramento genético, na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos que serão utilizados para estabelecer os critérios de seleção. Dentre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades (Cruz e Carneiro, 2003).

Existem diversos procedimentos para estimar componentes de variância que evoluíram com o desenvolvimento de novas teorias e aprimoramento na análise de dados. A adequação do método ao modelo considerado é um fato relevante na escolha do método de estimação (Marcelino, 2000), além

de outros fatores, como as propriedades dos estimadores e tamanho amostral. Por exemplo, no caso de dados desbalanceados, diferentes métodos de estimação podem levar estimativas distintas de um mesmo parâmetro (Marcelino e Iemma, 2000).

O método de máxima verossimilhança restrita (REML) generalizado para modelos mistos e dados desbalanceados por Patterson e Thompson (1971), tornou-se uma opção bastante atrativa e tem sido amplamente empregado para a estimação de componentes de variância e covariância em melhoramento animal. Esta escolha deve-se não apenas às suas propriedades teóricas desejáveis, mas também ao desenvolvimento de algoritmos computacionais, visando maior facilidade de processamento (Winter, 2005).

Patterson e Thompson (1971) apresentaram uma correção para o método da Máxima Verossimilhança (ML), eliminando seu viés, ou seja, os graus de liberdade envolvidos na estimativa dos efeitos fixos são considerados na estimativa dos componentes de variância. Deste modo, o REML mantém todas as propriedades do ML, é não viesado e permite a imposição de restrições de não negatividade, o que o torna ideal para estimar componentes de variância com dados desbalanceados (Lopes et al., 1993).

2.1.3.2 – Herdabilidade

A herdabilidade constitui a expressão da proporção da variância total atribuída aos efeitos médios aditivos dos genes, ou seja, à variância genética aditiva (Falconer, 1981). Tem como principal função expressar a confiança que se pode ter no valor fenotípico de um animal como guia para prever seu valor genético aditivo (Cardellino e Rovira, 1987). É o parâmetro genético de maior importância, pois é fundamental na predição do valor genético do animal, na formulação da estratégia a ser usada em melhoramento e na predição da resposta esperada à seleção.

Existem diversas classificações quanto à magnitude da herdabilidade, mas seguindo o padrão proposto por Pereira (2004), em geral quando a herdabilidade varia de 0,0 a 0,1 – é considerada baixa –, de 0,1 a 0,3 – média – e acima de 0,3 – alta.

O valor da herdabilidade depende de todos os componentes de variância, conseqüentemente, a mudança nestes componentes influenciará a herdabilidade (Falconer, 1981). Quando a herdabilidade é baixa, grande parte da variação da característica deve-se às diferenças de ambiente entre os indivíduos; porém, quando este valor é alto, significa que diferenças genéticas entre os indivíduos são responsáveis em grande parte pela variação nas características. O valor da herdabilidade pode variar de acordo com as condições ambiente, sendo mais elevado em meios mais estáveis comparados àqueles que sofrem grandes variações.

Estimativas de herdabilidade para características de desempenho foram descritas em alguns trabalhos, especialmente para peso corporal de codorna avaliado em diferentes idades. Avaliando duas linhagens de codornas de corte no período de crescimento, Wenceslau et al. (2007) obtiveram herdabilidades do peso corporal variando de 0,27 a 0,42 para o grupo genético EV1 e de 0,25 a 0,31 para o grupo genético EV2. As estimativas de média a alta magnitude para ambos os grupos genéticos, indicam que as aves podem ser selecionadas em idade inferior a 42 dias e responderão bem à seleção individual. Bonafé et al. (2007), ao avaliarem duas linhagens de codornas europeias, observaram maiores herdabilidades para peso ao nascer, aos 35 e 42 dias, com valores que variaram de 0,43 a 0,48; concluindo que o número de pesagens poderia ser reduzido na avaliação dos animais e sugerem que a seleção poderia ser realizada aos 35 dias de idade.

Narinc et al. (2010) estimaram herdabilidades do peso corporal de codornas japonesas que variaram de 0,42 a 0,62, sendo as mais altas observadas na segunda e sexta semanas de idade. Saatci et al. (2006), ao usarem modelo multicaracterística, observaram valores baixos a moderados de herdabilidade para peso corporal em codornas japonesas, do nascimento às seis semanas de idade (0,07; 0,18; 0,19; 0,18; 0,19; 0,13 e 0,15). Num estudo com codornas japonesas Saatci et al. (2003) obtiveram, pelo método de máxima verossimilhança restrita, alta estimativa de herdabilidade do peso ao nascer (0,51). Estes autores encontraram valores de herdabilidades de 0,32; 0,20; 0,21; 0,20; 0,15 e 0,14 para os pesos aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente. Os autores (Saatci et al. 2003 e 2006) recomendam que a seleção para peso destas codornas deva ser realizada entre o 7º e o 28º dias de idade.

Aggrey e Cheng (1994), ao avaliarem o peso corporal de codornas japonesas ao nascerem, aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,12 a 0,44. Ao nascer, aos 14 e aos 28 dias de idade as estimativas de herdabilidade obtidas foram altas (0,38; 0,31 e 0,44, respectivamente), assim, os autores sugerem que a seleção para pesos nessas idades pode ter resultados satisfatórios. De acordo com estes autores as herdabilidades de ganhos de peso variaram de 0,17 a 0,45, sendo as mais altas observadas na segunda e quarta semanas de idade. A estimativa de herdabilidade do peso à sexta semana de idade foi alta (0,61), de acordo com Shahin et al. (2000).

Para a característica peso aos 28 dias, Narayan et al. (1996) encontraram valor alto de herdabilidade (0,74). El-Fiky et al. (1994) encontraram valores de herdabilidade de moderada a alta (0,29 a 0,88), do peso corporal de codornas japonesas, do nascimento até a sexta semana de idade.

Michalska (1993), em estudo com uma população de codornas japonesas acompanhada por quatro gerações de cruzamentos aleatórios, obteve herdabilidades que variaram de 0,39 a 0,46 em diferentes idades. Toelle et al. (1991) relataram herdabilidade do peso aos 34 dias de 0,59. Em trabalho realizado com codornas japonesas, estimativas de herdabilidade para pesos corporais de machos dos 35 aos 56 dias variaram de moderadas a altas (Sefton e Siegel, 1974).

Akbas et al. (2004) utilizaram modelos de regressão aleatória para estimar parâmetros genéticos em codornas de corte e avaliar a trajetória genética do crescimento. As estimativas de herdabilidade encontradas foram 0,007; 0,39; 0,45; 0,58; 0,61; 0,55; e 0,44, para as sete primeiras semanas de vida, sendo a maior herdabilidade (0,61) observada para peso aos 28 dias de idade. Felipe (2010), ao utilizar também modelos de regressão aleatória, em dois grupos genéticos de codornas de corte (EV1 e EV2), encontrou para ambos os grupos genéticos valores de herdabilidade que tenderam a ser mais altos no 35º dia de idade (0,30 e 0,23) em relação ao 21º dia de idade (0,15 e 0,15).

Ton et al. (2006) estimaram herdabilidades para peso corporal em codornas de corte por meio de procedimentos bayesianos. As estimativas de herdabilidades foram de 0,05; 0,06; 0,09; 0,07; 0,08 e 0,07 para pesos às idades de um, sete, 14, 21, 28, e 38 dias respectivamente. Os autores afirmam que os resultados indicam dificuldade na obtenção de progresso genético no peso corporal. Ao utilizar metodologia Bayesiana, Winter (2005) obteve estimativas de moderada a alta herdabilidades para pesos corporais de codornas para corte; sendo os valores de 0,25; 0,43; 0,53 e 0,62 para peso aos sete, 14, 28 e 42 dias, respectivamente.

2.1.3.3 – Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente permanente

Segundo Viana et al. (2000), programas de melhoramento genético necessitam de acompanhamento das características de importância econômica. Os critérios de seleção são estabelecidos a partir destes estudos, garantindo a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior, geração após geração (Winter, 2005). A importância do estudo das correlações está em avaliar o impacto que a seleção para determinada característica pode causar em outra geneticamente relacionada.

A correlação genética entre duas características é a correlação entre os efeitos dos genes que as influenciam. Esta correlação pode ser positiva, quando ambas as características desenvolvem-se no mesmo sentido, aumentando ou diminuindo seus valores; ou negativa, quando as características tomarem sentidos opostos, neste caso, ocorre o acréscimo de uma e decréscimo da outra. A correlação fenotípica é a medida da magnitude da associação entre caracteres em um indivíduo.

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção de um deles é dificultada, em razão da baixa herdabilidade ou de dificuldades de mensuração e identificação (Cruz e Regazzi, 2001).

Programas de seleção em codornas de corte no Brasil estão em fase inicial, desta forma, é interessante conhecer as relações entre as características produtivas de interesse. Com relação a características de desempenho foram descritos alguns trabalhos, especialmente para a característica peso corporal em diferentes idades.

Felipe (2010), ao utilizar modelos de regressão aleatória e dois grupos genéticos de codornas de corte (EV1 e EV2) encontrou correlações genéticas positivas, sendo que a linhagem EV2 apresentou maior magnitude dos valores de correlação em ambas as idades (0,92 e 0,98 ao 21º e 35º dias de idade) comparada à outra linhagem (0,64 e 0,47).

Narinc et al. (2010), ao trabalharem com codornas japonesas, observaram maiores valores de correlação genética e fenotípica (0,98 e 0,88) entre pesos corporais medidos entre a quinta e sexta semanas de idade. As correlações genéticas observadas entre o peso ao nascimento e demais pesos foram de alta magnitude variando de 0,60 a 0,98. No entanto, a correlação fenotípica estimada entre o peso ao nascimento e às cinco semanas de idade apresentou o valor mais baixo (0,39). Os resultados mostraram que os coeficientes de correlação fenotípica para peso corporal em codornas tendem a diminuir em intervalos grandes de idade.

Bonafé (2008) avaliou o peso corporal em codornas de corte por meio de regressão aleatória, sob modelo animal aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias. As correlações, genética e de ambiente permanente, entre os pesos nas várias idades, à exceção entre peso ao nascer e os demais pesos, foram altas e positivas. Bonafé et al. (2007), ao utilizarem registros de duas linhagens de codornas europeias, verificaram a importância da coleta de pesos ao nascimento, sete, 14 e uma pesagem próxima à idade de abate, optando pela última pesagem aos 35 dias. Os autores afirmaram que a coleta de dados em quatro pesagens não compromete a qualidade dos dados para o melhoramento genético.

Lopes et al. (2008b) trabalharam com codornas de corte e os resultados mostraram correlações genéticas negativas e de média a alta magnitude, entre o peso ao nascimento e os demais pesos corporais (7, 14, 21, 28, 35 e 42), indicando que esta característica não deve ser usada na seleção. Já a partir do peso corporal aos sete dias as correlações genéticas, se apresentaram positivas e de médias a altas, indicando que já pode ser realizada seleção utilizando os pesos corporais nestas idades. As correlações de ambiente permanente apresentaram-se, de modo geral, semelhantes às correlações genéticas, evidenciando a forte importância do efeito permanente entre os pesos corporais medidos. As correlações fenotípicas apresentaram valores erráticos de baixa magnitude e como ocorreu com as correlações genéticas, apresentaram-se negativas entre o peso ao nascimento e os demais pesos corporais.

Wenceslau et al. (2007) avaliaram dois grupos genéticos de codornas de corte, considerando homogeneidade de variância, e verificaram correlação genética positiva, de média a alta magnitudes, entre peso vivo nas diferentes idades de codornas de corte. A mais alta estimativa de correlação foi entre o peso aos 35 e 42 dias, sendo os valores de 0,97 e 0,98 respectivamente para os grupos genéticos EV1 e EV2; indicando que estas aves poderiam ser selecionadas em idade menor do que 42 dias.

Winter et al. (2006) trabalharam com pesos corporais de codornas para corte aos sete, 14, 21, 28 e 42 dias de idade; encontrando maior correlação genética (0,81) entre as duas últimas idades, o que indica a possibilidade de aumento do peso corporal aos 42 dias pela seleção dessa característica aos 28 dias de idade. O peso aos sete dias de idade apresentou correlação genética moderada com peso aos 42 e 28 dias de idade e alta com peso aos 14 dias. As correlações fenotípicas variaram de 0,57 a 0,85 e foram ligeiramente maiores do que as genéticas, sugerindo que a correlação de ambiente é de pequena magnitude e positiva.

Saatci et al. (2006) estimaram as correlações genéticas entre características por meio de análises bivariadas e encontraram que as correlações entre pesos corporais, de codornas japonesas foram muito altas ($> 0,8$), com exceção das correlações entre duas e seis semanas, e seis e três semanas de idade; sendo que o período total avaliado foi do nascimento a seis semanas de idade. Correlações obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita foram descritas por Saatci et al. (2003). Neste estudo com codornas japonesas foram estimadas correlações genéticas altas entre os pesos semanais da eclosão até a sexta semana, sendo que as mais fortes foram entre a primeira e terceira semana ($0,98 \pm 0,11$) e segunda e terceira semana ($0,97 \pm 0,08$). De acordo com os resultados, a seleção para peso na quinta ou sexta semana pode ser baseada nos pesos anteriores.

Vali et al. (2005) trabalharam com duas linhagens de codornas (*Coturnix ypsilophorus* e *Coturnix japonica*) e encontraram correlações genéticas e fenotípicas, positivas e altas entre pesos corporais medidos aos 35, 42, 49 e 63 dias de idade.

Akbas et al. (2004), ao utilizarem modelos de regressão aleatória em estudo com codornas de corte considerando variância residual homogênea, encontraram todas as correlações entre pesos positivas, sendo as mais altas estimadas entre pesos corporais avaliados em idades mais próximas. As correlações genéticas foram maiores que as correlações fenotípicas e de ambiente permanente.

As características de peso vivo em diferentes idades apresentaram correlações genéticas positivas entre si, sendo que as maiores foram na terceira e quarta semana ($0,514 \pm 0,176$), segundo

Kumar et al. (2002) num estudo com codornas japonesas. Estes autores observaram ainda correlações ambientais e fenotípicas positivas entre os pesos. De acordo com Oguz et al. (2001), os pesos corporais na maturidade sexual foram altamente correlacionados aos pesos corporais juvenis em duas linhagens de codornas japonesas.

Ao avaliarem diferentes linhagens, Brah et al. (1997) relataram correlações genéticas de 0,76 e 0,99 entre pesos corporais as segunda e sexta semanas e quarta e sexta semanas, respectivamente, e estas foram mais altas do que as correspondentes correlações fenotípicas (0,42 e 0,72). A seleção em pesos anteriores é possível em razão dos altos valores de herdabilidade e correlação genética entre estes pesos e os registrados em idades posteriores (Kocak et al., 1995).

Com a utilização do método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, Aggrey e Cheng (1994), ao avaliarem o peso corporal de codornas japonesas ao nascer, aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, encontraram estimativas de correlações genéticas que variaram de 0,14 a 0,88 sugerindo que a seleção do peso corporal às duas semanas possibilita a melhora do peso corporal às quatro semanas. Os ganhos de peso, de acordo com estes autores, apresentaram correlações genéticas que variaram de -0,45 a 0,49. Fatores de ambiente comum associados ao ganho de peso na primeira semana podem ser a causa de correlações genéticas negativas com os períodos posteriores (terceira e quarta semana). As correlações fenotípicas para estas características foram positivas.

Em trabalho realizado com duas gerações de codornas japonesas para estimar parâmetros genéticos de pesos corporais, Sefton e Siegel (1974) encontraram correlações genéticas negativas entre peso ao nascer (influenciada também pelo peso do ovo) e pesos semanais de 35 a 56 dias de idade, em machos. Todas as correlações fenotípicas foram positivas, cuja magnitude diminuiu decresceu à medida que se aumentou o intervalo de tempo entre as idades. Assim, os autores comentam que alguns dos genes que controlam peso corporal diferem nas diferentes idades e que a importância de certos genes muda com a idade do animal.

2.2 – Interação genótipo x ambiente

A interação genótipo x ambiente (IGA) vem sendo estudada em diversas áreas como medicina, biologia e ciências agrárias. Apresenta relevância em plantas, animais e microorganismos, para características produtivas e reprodutivas relacionadas à adaptação e sobrevivência, sob a ótica evolutiva e da produção.

Existem diversas definições de interação genótipo x ambiente que foram modificadas e adaptadas ao longo dos anos evoluindo de acordo com as metodologias de estudo. Falconer (1952) mostrou que o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica poderia variar dependendo do ambiente, desse modo, a IGA é o termo utilizado para descrever o fenômeno que ocorre quando um conjunto de genótipos possui seu desempenho relativo modificado em ambientes distintos. Para Reis e Lôbo (1991), a existência de interação genótipo x ambiente está relacionada à presença de variações nas diferenças fenotípicas entre genótipos de ambiente para ambiente, ou seja, quando alguns genótipos são superiores em alguns ambientes e outros genótipos são superiores em outros ambientes. Estas definições refletem a forma de estudo em que ambientes considerados distintos são comparados como dois conjuntos correlacionados, sendo a correlação entre eles a medida da importância da IGA.

Com o surgimento dos modelos de normas de reação, surge uma nova definição de IGA proposta por Kolmodin et al. (2002) em que a interação ocorre quando genótipos respondem diferentemente às mudanças no ambiente. Os ambientes que antes eram pré-definidos passam a ser representados por um conjunto de fatores que se alteram em um gradiente contínuo.

De acordo com Ribeiro (2010), a primeira metodologia visando corrigir o problema de interação genótipo x ambiente foi proposta por Lush (1945), o qual recomendou que os animais fossem mantidos em um meio no qual pudessem mostrar prontamente quais indivíduos mais se aproximariam do ideal, ou seja, aqueles possuidores de todos os genes com efeitos desejáveis. Dois anos depois, Hammond (1947) concluiu que a seleção deveria ser praticada em ambiente mais favorável, para melhorar a acurácia da seleção em decorrência da maior expressão de genes de interesse econômico. No entanto, Falconer (1952) sugeriu que a base genética pode não ser a mesma nos vários ambientes, ou seja, que o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica pode variar dependendo do ambiente.

O fenômeno no qual genótipos distintos respondem diferentemente a mudanças ambientais é conhecido como interação genótipo x ambiente, ou como diferença na sensibilidade ambiental dos genótipos (Falconer e Mackay, 1996).

A habilidade de organismos vivos (plantas ou animais) de alterar sua expressão fenotípica em resposta a mudanças no ambiente é conhecida como plasticidade fenotípica (Bradshaw, 1965) ou sensibilidade ambiental, expressão mais utilizada na literatura de melhoramento animal (Falconer e Mackay, 1996). A sensibilidade ambiental tem uma base genética e pode ser manifestada em diversos níveis do organismo, como bioquímico, fisiológico e comportamental (Schlichting e Smith, 2002). A norma de reação é a sensibilidade ambiental do genótipo em diferentes ambientes (Falconer, 1990).

A sensibilidade ambiental pode ser considerada como uma nova característica de interesse à seleção, definida pela reação dos indivíduos aos diferentes ambientes. Existem diferentes graus de sensibilidade ambiental que definem os genótipos como plásticos (com maior sensibilidade) ou robustos (com menor sensibilidade).

A IGA é hipótese essencial tanto na evolução genética como no melhoramento genético dos animais domésticos (Ferreira et al., 2001), desta forma, os pesquisadores têm se preocupado em desenvolver e aplicar metodologias que visam identificar a ocorrência de interação sendo essa considerada na estimação de valores genéticos.

A interação genótipo x ambiente pode ocasionar a reclassificação dos animais ou causar apenas, diferenças em escala entre os ambientes refletindo a heterocedasticidade entre eles. Barría (1978) afirma que se pode esperar retardamento da resposta à seleção quando as interações genótipo x ambiente são de tal magnitude que o posto dos genótipos muda segundo as modificações ambientais.

Esta interação pode provocar também alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, por conseguinte, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente. Portanto, a identificação dessas interações deve contribuir para o aumento da eficiência de seleção em bovinos (Alencar et al., 2005) e outras espécies animais de interesse econômico.

Considerando que a variação fenotípica é parcialmente controlada pela herança, uma vez que a expressão dos genes é também afetada pelo meio, é necessário que a magnitude da influência do ambiente sobre a produção animal seja esclarecida. Neste contexto, os estudos relacionados ao efeito da interação genótipo x ambiente sobre o desempenho dos animais assumem maior importância. Considerando a teoria de Haldane (1946) e a classificação (*rank*) dos genótipos em ambientes diferentes, a significância estatística do efeito da interação e os tipos diferentes de interação relatados por Van Vleck et al. (1962 e 1963). Pani (1971) propôs a classificação das interações em quatro tipos. No primeiro, apesar das diferenças entre os ambientes, o comportamento dos genótipos é similar e, neste caso, não há interação; no segundo, há uma pequena inversão na ordem de classificação (*rank*) dos genótipos nos ambientes diferentes, uma vez que neste caso há interação, porém não significativa; no terceiro, não há inversão na ordem de classificação (*rank*) dos genótipos, embora o desempenho desses genótipos apresente grandes diferenças nos ambientes diversos. Neste caso, a interação é considerada significativa; finalmente, no quarto tipo, observa-se importante inversão na ordem de classificação (*rank*) dos genótipos nos ambientes diferentes e a interação é considerada significativa. Na atividade produtiva, é importante avaliar a magnitude do efeito desta interação e suas consequências econômicas (LOPES et al., 2008).

Biologicamente, a IGA pode ser evidenciada de duas maneiras: os genótipos expressos diferentemente em ambientes distintos; e a diferença real entre genótipos pode variar entre ambientes em valor, porém sem alterar a ordem de classificação (*ranking*) dos melhores animais ou genótipos. Este último tipo de interação não apresenta nenhum problema do ponto de vista da seleção, uma vez que os melhores animais selecionados em um ambiente seriam os melhores no outro, não obstante a expressão diferencial dos genótipos nos ambientes em questão (LIN & TOGASHI, 2002).

A IGA pode existir quando diferenças fenotípicas entre genótipos variam de ambiente para ambiente, podendo ser definida como a mudança no desempenho relativo de genótipos em ambientes distintos. Tais diferenças podem algumas vezes envolver mudanças na ordem de classificação dos genótipos e/ou mudanças na magnitude absoluta ou relativa dos desempenhos e das variâncias genotípica e de ambiente (FERREIRA et al., 2001).

Montaldo (2001) sugeriu que a fonte de variação, IGA, deveria ser incluída nos modelos de análises dos programas de seleção ou que se realizem tantas avaliações quanto forem os ambientes, uma vez que foi detectada a existência da interação genótipo x ambiente.

O interesse pelos efeitos da IGA tem sido crescente, à medida que os programas de melhoramento genético tendem a ter uma abrangência mais ampla geograficamente e mesmo internacional (PÉGOLO, 2009). Além disso, a grande extensão territorial de alguns países, a citar particularmente o Brasil, promove sensíveis diferenças em fatores importantes para a produção animal: clima, solo, alimentação, manejo, entre outros. A expressão das características produtivas sofre influências ambientais favoráveis a alguns genótipos e desfavoráveis a outros, de modo que o estudo desta adaptação dos genótipos ao ambiente de produção é de grande importância para identificação de genótipos produtivos e, ao mesmo tempo, adaptados aos diferentes sistemas de produção (Teixeira et al., 2006).

2.2.1 – Metodologias de análise da interação genótipo x ambiente

Existem diferentes formas de avaliar a interação entre o genótipo e o ambiente para determinada característica. Inicialmente, podem ser citados estudos envolvendo delineamentos em arranjo fatorial.

Experimentos controlados já foram realizados em diversos países para investigar a existência de interação genótipo x ambiente. A análise de variância em experimentos fatoriais inclui todas as combinações de vários conjuntos de níveis e fatores (Yates, 1949) e, portanto, permite que os efeitos atribuídos ao ambiente, ao genótipo e à interação entre eles sejam estimados no estudo da IGA. Na interpretação dos resultados, a não significância da interação mostra que o melhor genótipo em um ambiente específico será o melhor em todos os ambientes, pois, a variável ambiente apresenta o mesmo efeito para os diferentes genótipos. Mas se há interação significativa, é necessária a procura dos genótipos com máxima expressão da característica em ambientes específicos. Estatisticamente, isto é possível através de equações de regressão. Como resposta nestes ensaios é possível determinar o melhor genótipo para cada ambiente quando o efeito de meio não se manifesta igualmente para cada um desses. A principal desvantagem desta metodologia está na pressuposição da ANOVA que diz respeito à homocedasticidade, o que na realidade não ocorre em razão da tendência de maior variação nos melhores ambientes (Burdon, 1977).

Em codornas de corte, estudos utilizando este tipo de análise foram feitos por Santos et al. (2009), Corrêa et al. (2006), Valente et al. (2006) e Dionello et al. (2006a), envolvendo a avaliação de grupos genéticos submetidos a diferentes planos nutricionais; o máximo desempenho é obtido quando as linhas são alimentadas com o nível adequado da dieta, mostrando que a estimativa da exigência de uma linhagem não deve ser extrapolada para outra. Ahmad et al. (2003) apresentaram resultados semelhantes estudando o efeito de IGA sobre a viabilidade de codornas japonesas e encontraram efeito de interação significativo entre estação-grupo genético e nível proteico da dieta-grupo genético sobre a porcentagem de mortalidade das aves. Por outro lado, Felipe et al. (2007) não encontraram efeito de interação nível de metionina+cistina total da dieta e grupos genéticos de fêmeas de codornas de corte concluindo que a mesma dieta poderia ser utilizada para qualquer um dos grupos tendo em vista o máximo ganho de peso.

Para análises adicionais e estimação de IGA, existem três classes de modelos principais: modelo de interação, modelo multicaracterística e modelo de normas de reação (revisados por Van Eeuwijk et al., 1995; Lynch e Walsh, 1998; de Jong e Bijma, 2002).

No primeiro, o termo aleatório de interação genótipo x ambiente ($I_{G \times E}$) é adicionado ao modelo genético clássico (Falconer e Mackay, 1996; Lynch e Walsh, 1998). Nos dias atuais o modelo de interação raramente é utilizado para estimar IGA, em razão das suas limitações com dados desbalanceados e heterogeneidade de variância e suas dificuldades de interpretação (Dickerson, 1962). A aplicação mais conhecida é nos modelos de interação touro x rebanho que ainda são utilizados em alguns países. Esse método permite uma descrição geral sem considerar variações individuais. Em adição, não são consideradas as relações genéticas entre touros para estimação da interação, sendo apenas um efeito ambiental adicional (Hammami et al., 2009).

A existência da interação genótipo x ambiente pode ser quantificada pela correlação entre o genótipo e o ambiente (r_{GE}) na qual a mesma característica medida em dois ambientes diferentes pode ser considerada como duas características distintas, caracterizando, desta forma, os modelos multicaudalísticas. À medida que a correlação entre o genótipo e o ambiente aproxima da unidade a importância da IGA diminui; a magnitude da interação aumenta quando a r_{GE} aproxima de zero. Desta forma, o ambiente mais adequado para se realizar seleção depende da avaliação da magnitude relativa da resposta indireta (correlação) em relação à resposta direta à seleção (Falconer, 1952) nos modelos multicaudalísticas. Nestes modelos os desempenhos em ambientes distintos são tratados como características diferentes ainda que possa existir correlação entre elas. A correlação genética diferente da unidade indica um novo ranqueamento dos animais entre os ambientes e, portanto, a existência de interação genótipo x ambiente. Robertson (1959), citado por Pégolo (2009), sugeriu que valores de correlação genética abaixo de 0,80 indicariam que o *ranking* dos animais teria sido alterado, apontando para a necessidade de cuidados na avaliação genética nessas condições. Segundo Montaldo (2001) e Lin e Togashi (2002), correlações genéticas abaixo de 0,8 indicariam importante redução na eficiência dos programas de melhoramento. Historicamente, diversos estudos têm demonstrado a presença de interação genótipo x ambiente quando animais são comparados em diferentes regiões ou países por meio de correlações genéticas da mesma característica entre ambientes. Podem-se citar estudos em bovinos de corte (Nunn et al., 1978; Ferreira et al., 2001; Fikse et al., 2003; Fridrich et al., 2005; Lopes et al., 2008a), bovinos de leite (Cienfuegos-Rivas et al., 1999; Kolmodin et al., 2002; Mulder et al., 2004; Calus et al., 2006), e de forma mais escassa, em aves (poedeiras: Wei e Van der Werf, 1995; Besbes e Gibson, 1999; e frangos de corte: Pakdel et al., 2005; Zerehdaran et al., 2005; Banos et al., 2006) e suínos (Merks, 1988; Van Diepen e Kennedy, 1989; Cameron, 1993).

As implicações da presença de IGA na seleção de características de interesse econômico foram analisadas por Mulder e Bijma (2005), com dados simulados, demonstraram que a necessidade de se determinar ambientes de forma discreta seria uma limitação aos estudos de IGA utilizando modelos que incluíam a interação em análise multivariada. Neste ponto, o surgimento dos modelos de regressão aleatória e de normas de reação abre um novo horizonte para a avaliação da importância da interação genótipo x ambiente (Strandberg, 2006).

2.2.1.1 - Modelo de normas de reação

O termo norma de reação foi proposto no início do século 20 em estudos de ecologia e biologia evolutiva (Woltereck, 1909) e, posteriormente, como sendo a expressão fenotípica de um genótipo como uma função do ambiente, incluindo modificações adaptativas do organismo a diferentes meios (Schmalhausen, 1949).

Segundo Pégolo (2009), do ponto de vista da genética quantitativa, um primeiro esboço da importância das normas de reação foi apresentado por Lewontin (1974) que, instigado pela discussão racial em características humanas, destacou a importância da sensibilidade ambiental – a inclinação da norma de reação – e da conexão entre a gama de ambientes e a distribuição da população no entendimento dos componentes da análise de variância. A ideia foi ampliada pelo mesmo autor (Lewontin, 1998) generalizando a importância da IGA na expressão do fenótipo. Falconer (1990) apresentou um estudo sobre a IGA considerada do ponto de vista das normas de reação. Modelos estatísticos de seleção utilizando normas de reação definidas com valores genéticos foram apresentados por de Jong e Bijma (2002), tendo sido já previstas e denominadas por Sarkar (1999) como adaptativas. Nestes modelos, a presença de IGA indica a possibilidade de se selecionar para a sensibilidade dos genótipos às diferenças ambientais. Estes autores discutem a metodologia para quantificar a plasticidade fenotípica (também denominada de sensibilidade ambiental), como uma característica quantitativa para a formulação de objetivos de seleção.

Neste modelo, o fenótipo é expresso como uma função polinomial do valor de ambiente e assume-se que os coeficientes polinomiais estão sob influência genética (de Jong, 1995). O mesmo autor afirma que essa abordagem é de grande utilidade quando os fenótipos se modificam de forma gradual e contínua sobre um gradiente ambiental.

De acordo com Kolmodin (2003), no estudo da IGA o genótipo pode ser definido como alelos de um loco específico, ou pela combinação única de genes de cada indivíduo, ou ainda, pelos genes em comum a um grupo de irmãos. Considerando, desta forma, cruzamentos, raças, linhagens ou

indivíduos. O ambiente pode ser descrito como um de muitos fatores que podem influenciar um indivíduo. Dependendo do objetivo, vários são os gradientes ambientais que podem ser utilizados em estudos de normas de reação, como por exemplo, clima, níveis de produção, qualidade nutricional etc. Se o interesse não for um fator ambiental específico, é possível utilizar características de rebanho (sistema e nível de produção etc.), país ou região nos quais os indivíduos vivem; ambientes mais complexos podem ser quantificados por meio do desempenho médio de todos os genótipos em cada ambiente.

Fikse et al. (2003) avaliaram descritores ambientais distintos no estudo de interação genótipo x ambiente, com o objetivo de distinguir ambientes similares de não similares. Foram avaliadas quinze variáveis que medem aspectos de manejo, composição genética e climática como níveis ambientais para registros de primeira lactação em vacas Guernsey em quatro países. Nove variáveis foram identificadas como significativas, dentre elas o tamanho do rebanho, desvio-padrão da produção de leite dentro do rebanho, pico de produção de leite, idade à primeira cria e pluviosidade anual.

Por intermédio do estudo de normas de reação é possível a inclusão da sensibilidade ambiental como critério de seleção, o que auxiliaria no controle do comportamento dos fenótipos em função do ambiente. Em um modelo de normas de reação, a sensibilidade ao ambiente é definida como a primeira derivada da função da norma de reação, isto é, o coeficiente de regressão linear – inclinação – da norma de reação (de Jong, 1995). A variação genética nos coeficientes polinomiais indica a presença de IGA, ou seja, variação genética em razão da sensibilidade ambiental. A mudança na sensibilidade ambiental pode ser resultado da seleção agindo diretamente nos coeficientes de norma de reação ou resposta correlacionada à seleção por meio dos valores fenotípicos dentro dos ambientes (Via et al., 1995).

Kolmodin et al. (2003) analisaram o efeito da seleção na sensibilidade ambiental utilizando modelos de norma de reação, encontrando resultados que indicam que a seleção e a melhora dos ambientes de criação aumentam a sensibilidade ambiental dos rebanhos.

A pressuposição comumente assumida é a de que as normas de reação são lineares, ou seja, os genótipos respondem linearmente a um gradiente ambiental contínuo. Esta seria a forma mais simples de descrever a sensibilidade ambiental do genótipo como uma função do ambiente, e foi assumida por vários autores em estudos envolvendo características de produção de leite (Calus et al., 2002; Kolmodin, 2003; Fikse et al., 2003; Kolmodin e Bijma, 2004), características de crescimento em bovinos de corte (Cardoso e Oliveira, 2008; Corrêa et al., 2009; Mattar, 2009), em suínos (Hermesch et al., 2006) e codornas de corte (Felipe et al., 2008; Santos et al., 2008; Felipe, 2010).

As normas de reação também podem ser expressas por funções de ordem mais elevada, como as quadráticas, nas quais é descrito um valor ótimo de ambiente. Normas de reação quadráticas têm sido estimadas para produção de leite e características de crescimento de bovinos de corte (Kolmodin et al., 2003; Pégolo et al., 2009). Kolmodin et al. (2003) afirmaram que uma norma de reação sigmoide descreveria uma característica com duas classes fenotípicas, com acentuada inclinação da curva no ponto de inflexão que marca o limite entre os valores fenotípicos (Scheiner, 1993).

Pollott e Greeff (2004) estudaram IGA para a característica de contagem de ovos nas fezes e características produtivas importantes em carneiros Merino na Austrália, por meio de normas de reação lineares e quadráticas ao longo de um gradiente ambiental definido pela média dos rebanhos.

Um modelo de norma de reação por regressão aleatória é equivalente a uma função de covariância em modelos para características longitudinais, em que ambos os modelos ajustam uma estrutura de covariância de medidas repetidas ao longo de uma trajetória (Meyer e Hill, 1997); desse modo, os modelos estocásticos de dimensão infinita têm sido propostos, com o fenótipo sendo representado por uma função contínua de tempo. No entanto, a predição das normas de reação em limites ambientais que vão além daqueles em que são encontrados os dados deve ser feita com cautela, pois o aumento linear no valor fenotípico poderá ser limitado por razões biológicas (Kolmodin, 2003).

Meyer (1998) mostrou que um modelo de função de covariância é equivalente a um modelo de regressões aleatórias com as funções da idade (tempo) como covariáveis. Um modelo de regressão aleatória, usando polinômios de Legendre da idade (tempo) como variável independente, pode ser escrito como (Albuquerque, 2004):

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_a-1} a_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_g-1} \delta_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é a medida do animal i no tempo j ; F é um conjunto de efeitos fixos; a_{im} e δ_{im} são os m coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente para o animal i , respectivamente; e k_a e k_q são as ordens de ajuste dos polinômios correspondentes.

$\sum_{m=0}^{k_a-1} a_{im} \phi_m(a_{ij}^*)$ refere-se ao efeito aleatório genético aditivo para a covariável a_{ij}^* ;

$\sum_{m=0}^{k_q-1} \delta_{im} \phi_m(a_{ij}^*)$ é o termo referente ao efeito de ambiente permanente; e

ε_{ij} refere-se ao componente residual.

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

$$\text{Cov}(y_{ij}, y_{ij'}) = \sum_{m=0}^{k_a-1} \sum_{l=0}^{k_a-1} \phi_m(a_{ij}^*) \phi_l(a_{ij'}^*) \text{Cov}(a_{im}, a_{il}) + \sum_{m=0}^{k_q-1} \sum_{l=0}^{k_q-1} \phi_m(a_{ij}^*) \phi_l(a_{ij'}^*) \text{Cov}(\delta_{im}, \delta_{il}) + \text{Cov}(\varepsilon_{ij}, \varepsilon_{ij'})$$

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

Ajustando-se um modelo de regressão aleatória, assume-se, implicitamente, determinada estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão que pode ser caracterizado por uma função de covariâncias (Meyer, 1998). Desse modo, essas propostas convergem e o modelo de função de covariância descrito por Kirkpatrick et al. (1990) é equivalente a um caso especial de regressão aleatória, como demonstrado por Meyer (1998). Os coeficientes das funções de covariâncias podem ser estimados diretamente do modelo de regressão aleatória, usando máxima verossimilhança restrita ou amostrador de Gibbs na metodologia bayesiana.

Em notação matricial o modelo acima pode ser descrito como:

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 \delta + \varepsilon$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ \delta \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_p \otimes A & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_\varepsilon^2 D \end{bmatrix}$$

em que y é o vetor de observações; B o vetor de efeitos fixos (incluindo a curva de regressão fixa para modelar a trajetória populacional); α o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos diretos; δ o vetor de coeficientes de ambiente permanente de animal; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência correspondentes e ε o vetor de resíduos; k_a e k_p são as matrizes de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente de animal, respectivamente. A é a matriz de parentesco aditivo, I uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais com dados, D é a matriz diagonal e σ_ε^2 é a variância dos erros de medida. Cabe lembrar que, utilizando-se modelos multicaracterísticas os efeitos de ambiente permanente não são separados do resíduo.

Grande parte das avaliações que utilizam regressões aleatórias para modelar trajetórias de crescimento o faz em função de polinômios ortogonais de Legendre e de valores de idades padronizadas de -1 a 1 . Existem outras classes de polinômios ortogonais que são utilizadas para valores padronizados, mas os polinômios de Legendre são provavelmente os mais fáceis de calcular (Schaeffer, 2001). A escolha da família de polinômios ortogonais a ser utilizada pode influir na predição dos valores das variáveis aleatórias na interpolação de pontos onde a coleta de dados se concentra. Porém, o efeito de arbitrariedade introduzido na escolha da família de polinômios ortogonais diminui com o aumento do número de idades em que as observações são coletadas (Kirkpatrick et al., 1990).

As matrizes de incidência possuem não apenas os elementos 0 e 1, mas covariáveis relativas à idade exata do animal em que a observação foi coletada. Esta informação dispensa a necessidade de padronização de idades e ajustes de observações. Desta maneira, observações coletadas em idades diferentes daquela considerada padrão podem ser utilizadas sem prejuízo na acurácia de avaliação. A variância residual atribuída ao modelo pode ser considerada constante para todas as observações ou pode ser modelada em função da idade de maneira semelhante aos demais efeitos aleatórios, como foi feito por Albuquerque e Meyer (2001) e Nobre et al. (2003a). Desta maneira, a trajetória de crescimento fenotípico pode ser considerada uma soma de funções relativas a cada efeito fixo e aleatório considerado no modelo (Kirkpatrick et al., 1990).

Os primeiros estudos que utilizavam os modelos de regressão aleatória (Jamrozik e Schaeffer, 1997) consideravam a estrutura homogênea de variâncias para o resíduo que, aliada aos problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas. No entanto, considerar as variâncias residuais heterogêneas pode causar um aumento no número de parâmetros a serem estimados o que dificultaria a convergência na estimação dos componentes de variância, principalmente em bancos de dados com grande volume de informações.

Fikse et al. (2003) defendem as características de dimensão-infinita como ferramentas para seleção na presença de interação genótipo x ambiente. Segundo esses autores, se o ambiente pode ser medido com uma variável contínua, uma função de covariância pode ser usada para descrever um número infinito de características separadamente ao longo do gradiente ambiental.

Os modelos de regressão aleatória têm sido reconhecidos como ideais para análise de dados longitudinais no melhoramento animal e para a modelagem de registros diários de produção de leite durante a lactação de bovinos leiteiros, assim como no crescimento corporal em bovinos de corte (Meyer, 2000; Albuquerque e Meyer, 2001; Sakaguti et al., 2002; Nobre et al., 2003b; Kolmodin e Bijma, 2004; Cardoso e Oliveira, 2008; Corrêa et al., 2009; Pégolo et al., 2009), produção de ovos (Luo et al., 2007) inclusive em perus (Kranis et al., 2007); e no estudo da interação genótipo x ambiente em características de produção de leite (Kolmodin et al., 2003) e contagem de células somáticas (Calus et al., 2006), de desempenho de codornas de corte (Santos et al. 2008; Felipe, 2010) e características produtivas em carneiros (Pollott e Greeff, 2004).

O modelo clássico de normas de reação postula que as covariáveis são conhecidas (Karan et al., 1999; Ravagnolo e Misztal, 2000; Kingsolver et al., 2004). O valor ambiental é medido como a média dos desempenhos apresentados por todos os genótipos naquele ambiente, sendo esse valor utilizado como uma estimativa da covariável que se desconhece do modelo. Em outras palavras, as soluções dos níveis do gradiente ambiental oriundas de uma análise prévia são computadas como estimativas dessa covariável (Calus et al., 2002; Kolmodin et al., 2002; Calus e Veerkamp, 2003; Ribeiro, 2010). De acordo com Su et al. (2006), uma função dos dados como covariável no modelo pode ser insatisfatória.

Nos modelos de normas de reação, normalmente, os valores de ambiente desconhecidos são calculados a partir das médias fenotípicas dos parâmetros de ambiente conhecidos, o que poderia resultar em representações enganosas dos reais valores ambientais. O uso de médias fenotípicas de ambientes propícios, como aproximações de valores ambientais, poderia levar a estimativa viesada dos parâmetros e valores genéticos, conseqüentemente, inferências sobre valores ambientais inapropriados podem levar à classificação incorreta dos animais.

Calus et al. (2004) estudaram, por meio de simulação, os efeitos da estrutura dos dados na estimação de função de covariância para descrever IGA com modelos de norma de reação. Concluíram que composições genéticas fora da média (grupos ambientais compostos por animais de valores genéticos cuja média foi tendenciosa) e baixa conectividade genética tiveram grande impacto na

estimação dos componentes de variância na função de covariância, resultando em correlações pobres entre efeitos de touro simulados e preditos e entre efeitos de rebanho simulados e o descritor ambiental calculado. A melhor solução encontrada foi o uso da função de covariância combinada a um grande número de animais por rebanho. Esses autores foram os primeiros a proporem estimções de valores ambientais por meio de procedimento iterativo, em que o efeito ambiental estimado em determinada iteração é usado como covariável na próxima iteração. Os autores observaram significativa redução do viés na estimação dos componentes de variância usando esta abordagem, mas não excluíram a necessidade de grande número de dados.

3- Referências Bibliográficas

- AGGREY, S. e.; CHENG, K. M. Animal model analysis of genetic (co)variances for growth traits in Japanese quail. *Poultry Science*, v. 73, n. 12, p. 1822-1828, 1994.
- AHMAD, M., RAJMANE, B.V., NARAYANKHEDKAR, S.G. Effect of GxE interaction on livability in quails. *Indian Veterinary Journal*, v.80, n.9, p.874-876, 2003.
- AKBAS, Y.; TAKMA, C.; YAYLAK, e. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South Afrfrican Journal of Animal Science*, v.34, p.104-109, 2004.
- ALBUQUERQUE, L. G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, V, 2004, Pirassununga. *Anais...* Pirassununga, 2004. Disponível em: <<http://www.sbmaonline.org.br/anais/v/palestras/pdfs/palest11.pdf>> Acesso em: 22 jul. 2010.
- ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, v. 79, p. 2776–2789, 2001.
- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- ANDERSON, S.; PEDERSEN, B.; Growth and food intake curves for group-housed gilts and castrated male pigs. *Journal of Animal Science*, v.63, p.457-464, 1996.
- BANOS, G.; AVENDANO, S.; OLORI, V. Time dependent genetic parameters for broiler chicken body weight measured in selection and commercial environments. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, *Proceedings...* Belo Horizonte: 2006, CD-ROM.
- BARRÍA, N. R. Limites geneticos de la selección artificial. *Avances en Producción Animal*, v.3, 1-2, p.2-14, 1978.
- BESBES, B.; GIBSON, J.P. Genetic variation of egg production traits in purebred and crossbred laying hens. *Animal Science*, v.68, p.433-439, 1999.
- BERTRAND, J.K.; I. MISZTAL, I.; ROBBINS, K.R. et al. Implementation of random regression models for large scale evaluations for growth in beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.
- BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Modelos de dimensão finita para a estimação de parâmetros genéticos para a produção de leite de primeiras lactações de vacas da raça Holandesa. *Ciência Rural*, v.38, n.6, p.1705-1710, 2008.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.

- BONAFÉ, C.M. Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2008. 58f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- BONAFÉ, C.M.; SILVA, F.G.; SILVA, L.P. et al. Estimação de parâmetros genéticos de codornas de corte visando a redução no número de pesagens. In: SIMPOSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 3, 2007, Lavras. *Anais...* Lavras, 2007. p.230.
- BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. *Advances in genetics*, v. 13, p. 115-155, 1965.
- BRAH, G. S.; CHAUDHARY, M. L.; SANDHU, J. S. Genetic analysis of body weight in three lines of Japanese quail. *Indian Journal of Poultry Science*, v. 32, n. 3, p. 242-248, 1997.
- BURDON, R. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding. *Silvae Genética*, v.26, n.5–6,p.168–175, 1977.
- CALUS, M. P. L.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R. F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. *Genetics Selection Evolution*, v. 36, p. 489-507, 2004.
- CALUS, M. P. L.; GROEN, A. F.; de Jong, G. Genotype x environment interaction for protein yield in dutch dairy cattle as quantified by different models. *Journal of Dairy Science*, v. 85, p. 3115-3121, 2002.
- CALUS, M.P.L.; JANSS, L.L.G.; VEERKAMP, R.F. Genotype by environment interaction for somatic cell score across bulk milk somatic cell count and days in milk. *Journal of Dairy Science*, v. 89, p. 4846-4857, 2006.
- CALUS, M. P. L.; R. F. VEERKAMP. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. *Journal of Dairy Science*, v. 86, p. 3756–3764, 2003.
- CAMERON, N. D. Methodologies for estimation of genotype with environment interaction. *Livestock Production Science*,v.35, p.237-249, 1993.
- CARDELLINO, R. A., ROVIRA, J. *Mejoramento genético animal*. Montevideo. Hemisfério Sur, 1987. 253p.
- CARDOSO, F. F.; OLIVEIRA M. M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heterocedástica no ganho pós desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, VII, 2008, São Carlos. *Anais...* São Carlos: Universidade Federal de São Carlos, 2008.
- CIENFUEGOS-RIVAS, E.G.; OLTENACU, P.A.; BLAKE, R.W. et al. Interaction between milk yield of Holsteins in Mexico and the United States. *Journal of Dairy Science*, v.82, p.2218-2223, 1999.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, n.5, p.1519-1530, 2005.

CORRÊA, M. B. B.; LAURINO, J. N.; CARDOSO, F. F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste de ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. *Revista Brasileira de Zootecnia.*, v. 38, n. 8, p. 1460-1467, 2009.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; DIONELLO, N.J.L. et al. Genotype by environment interaction for production traits of meat type quail during the growing phase. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v. 2, Viçosa, Mg: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. *The American Naturalist*, v.145, p.493-512, 1995.

DE JONG, G.; BIJMA P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. *Livestock Production Science*, v. 78, p. 195-214, 2002.

DICKERSON, G.E. Implications of genetic environmental interaction in animal breeding. *Animal Production*, v.4, p.47-64, 1962.

DIONELLO, N.J.L.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Interação genótipo x ambiente em características produtivas de codornas de corte no período de crescimento. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43, 2006a, João Pessoa. *Anais...* João Pessoa: SBZ. CD-ROM.

DIONELLO, N.J.L.; SILVA, C.A.S.; COSTA, C.N. et al. Estimacão de parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras lactações de vacas da raça Jersey. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, n.4, p.1646-1652, 2006b.

EL-FIKY, F.A.; SHAMMA, T.A.; EL-OKSH, H.A. Genetic parameters of some productive and reproductive traits in Japanese quail. *Arid Lands of Agriculture Science*, v.5, p. 45-60, 1994.

FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. 1nd ed. Longman, London, U.K, 1981.

FALCONER, D. S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. *Genetic Research*, v. 56, p. 57-70, 1990.

FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. *The American Naturalist*, v.86, p. 293-298, 1952.

FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Edition. Longman, Harrow, Essex. 1996.

FELIPE, V.P. *Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte*. 2010. 57p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

FELIPE, V.P.S.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Interação genótipo-ambiente em características de desempenho e de carcaça de fêmeas híbridas de codornas de corte na fase de

crescimento. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE ZOOTECNIA, 9, 2007, Londrina. *Anais...* Londrina: UEL, 2007. p. 1-5.

FELIPE, V.P.S., CORRÊA, G.S.S., CORRÊA, A.B. et al. Interação entre nível de metionina+cistina total da dieta e dois grupos genéticos de codornas de corte durante o período de crescimento. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45, 2008, Lavras. *Anais...* Lavras: SBZ. CD-ROM.

FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. et al. Interação genótipo- ambiente em algumas características de gado de corte no Brasil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.53, n.3, p. 385-392. 2001.

FIKSE, W. F.; REKAYA, R.; WEIGEL, K.A. Assessment of environmental descriptors for studying genotype by environment interaction. *Livestock Production Science*, v. 82, p. 233-231, 2003.

FRIDRICH, A. B.; SILVA, M. A.; FRIDRICH, D. et al. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, n.5, p.663-672, 2005.

HAMMAMI, H.; REKIK, B.; GENCLER, N. Genotype by environment interaction in dairy cattle. *Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*, v.13, n.1, p.155-164, 2009.

HAMMOND, J. 1947. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. *Biological reviews*, n.22, p. 195-213.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics*, v32, p. 69-83, 1976.

HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. *Biometrics*, n. 38, p. 623– 640, 1982.

HERMESCH, S.; HUISMAN, A.E; LUXFORD, B.G. et al. Analysis of genotype by feeding level interaction in pigs applying reaction norm models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

HUISMAN, A. *Genetic analysis of growth and feed intake in pigs*. 2002. Doctoral thesis - Wageningen Institute of Animal Sciences, Wageningen, The Netherlands.

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

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

KARAN, D.; MORETEAU, B.; DAVID, J. R. Growth temperature and reaction norms of morphometrical traits in a tropical drosophilid: *Zaprionus indianus*. *Heredity*, v. 83, p.398–407, 1999.

KINGSOLVER, J. R.; RAGLAND, G. J.; SHLICHTA, J. G. Quantitative genetics of continuous reaction norms: Thermal sensitivity of caterpillar growth rates. *Evolution*, v.58, p.1521–1529, 2004.

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

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

KOCAK, C.; ALTAN, O.; AKBAS, Y. Japon bildircinlerinin çeşitli verim özellikleri üzerine araştırmalar. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science*, v. 19, n. 1, p. 65-71, 1995. Resumo.

KOLMODIN, R. *Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding*. 2003. 35p. Doctoral thesis - Department of Animal Breeding and Genetics, Uppsala.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by Environment Interaction in Nordic Dairy Cattle Studied Using Reaction Norms. *Acta Agriculture Scandinavia A-An*. v.52, p.11-24, 2002.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. *Animal Science*, v. 76, p. 375-385, 2003.

KOLMODIN, R.; BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modeled as a linear reaction norm. *Genetics Selection Evolution*, v.36, p.435-454, 2004.

KRANIS, A.; SU, G.; SORENSEN, D. et al. The application of random regression models in the genetic analysis of monthly egg production in turkeys and a comparison with alternative longitudinal models. *Poultry Science*, v.86, p.470-475, 2007.

KUMAR, A.; VERMA, S.B.; MOHAN, M. et al. Estimates of correlation among body weight at various weeks of age under different selection intensities in Japanese quail. *Indian Veterinary Journal*, v. 79, n. 1, p. 41-43, 2002.

LAIRD, N.M., WARE, J.H. Random effects models for longitudinal data. *Biometrics*, n. 38, p. 963-974, 1982.

LEWONTIN, R. C. The Analysis of variance and the analysis of causes. *The american journal of human genetics*, v. 26, p. 400-11, 1974.

LEWONTIN, R. C. *The triple helix: Gene, Organism and Environment*. Harvard University Press, Cambridge, 1998, 192 p.

LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. *Animal Science Journal*, v.73, p.3-11, 2002.

LITTEL, R.C.; MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W. et al. *SAS system for mixed models*, Cary, 1996. 633p.

LYNCH, M.; WALSH, J.B. *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA. 980 p. 1998.

LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N; WÉBER, T. et al. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.1, p.54-60, 2008a.

LOPES, M.; BRUM JR., B.S.; MANSKE, N.E. et al. Pesos corporais em duas gerações de codornas de corte analisados através de regressão aleatória. In: ENCONTRO DE PÓS-GRADUAÇÃO, 10,

2008. *Anais...* Pelotas, 2008b. Disponível em: <
<http://www.ufpel.edu.br/cic/2008/cd/pages/pdf/CA/CA00851.pdf> > Acesso em: 02 ago. 2010.
- LOPES, P. S.; MARTINS, E. N.; SILVA, M. A. et al. *Estimação de Componentes de Variância*. Ed. UFV, Viçosa-Minas Gerais, 1993. p 61.
- LUO, P.T.; YANG, R.Q.; YANG, N. et al. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. *Poultry Science*, v.86, p.30-36, 2007.
- LUSH, J.L. *Animal Breeding Plans*. Iowa State College Press: Ames. 1945.
- MARCELINO, S. D. R. *Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados*. Piracicaba, 2000. 83 f. Dissertação – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. *Scientia Agricola*, v. 57, n. 4, p. 643-652, 2000.
- MATTAR, M. Interação genótipo x ambiente para peso ao sobreano na raça Canchim. 2009. 90f. Tese (Doutorado). Universidade Estadual Paulista, 2009.
- MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, M. A. et al. *Uso de modelos mistos na avaliação genética animal*. UFV, Viçosa, 1997. 121p.
- MCKAY, L.T.; SCHAEFFER, L.R.; MCMILLAN, I. Analysis of growth curves in rainbow trout using random regression. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2002, Montpellier. *Proceedings... Montpellier, 2002*. Disponível em: <
<http://cgil.uoguelph.ca/pub/7WCGALP/McKay.pdf>> Acesso em: 22 jul. 2010.
- MERCADANTE, M. E. Z., PACKER, I.U., RAZOOK, A. G. et al. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo deregressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.31, n.4, p. 1726-1733, 2002.
- MERKS, J. W. M. *Genotype × environment interactions in pig breeding programmes*. 1988. PhD thesis: Wageningen University (The Netherlands).
- MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. *Genetics Selection Evolution*, v. 30, p. 221-240, 1998.
- MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livestock Production Science*, v.86, p.69–83, 2004.
- MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or ‘repeated’ records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science*, v.47, p.185-200, 1997.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. *Genetics Selection Evolution*, v.33, p. 1-28, 2001.

- MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Australian beef cattle from a large set of field data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2002, Montpellier. *Proceedings... Montpellier, 2002*. Disponível em: <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.8.4893&rep=rep1&type=pdf> Acesso em: 22 jul. 2010.
- MICHALSKA, E. Genetic parameters of early growth, feed intake and feed conversion in Japanese quail. *Animal Science Papers and Reports Polish Academy of Sciences*, v. 11, n. 3, p. 207-213, 1993.
- MONTALDO, H.H. Genotype by environment interactions in livestock breeding programs: a review. *Interciencia*, v.26, n.6, p.229-235, 2001.
- MULDER, H.A.; BIJMA, P. Effects of genotype X environment interactions on genetic gain in breeding programs. *Journal of Animal Science*, v. 83, p. 49-61, 2005.
- MULDER, H.A.; GROEN, A.F.; DE JONG, G. et al. Genotype X environment interaction for yield and somatic cell score with automatic and conventional milking systems. *Journal of Animal Science*, v. 87, p. 1487-1495, 2004.
- NARINC, D.; ASKOV, T.; KARAMAN, e. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, v.9, n.3, p.501-507, 2010.
- NARAYAN, R. et al. Genetics of production traits in egg type Japanese quail. (1996). *Indian Journal of Veterinary Research*, v. 5, n. 2, p. 44-46, 1996.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *Journal of Animal Science*, v.81, n.4, p.927-932, 2003a.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *Journal of Animal Science*, v.81, n.4, p.918-926, 2003b.
- NUNN, T.R.; KRESS, D.D.; BURFENING, P.J. et al. Region by sire interaction for reproduction traits in beef cattle. *Journal of Animal Science*, v.46, n.4, p.957-964, 1978.
- OGUZ, I.; AKBAS, Y.; ALTAN, O. Relationship of body weight at sexual maturity with body weights at various ages in lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week body weight. *Journal of Applied Animal Research*, v. 19, n. 2, p. 219-223, 2001.
- PAKDEL, A.; VAN ARENDONK, J.A.M.; VEREIJKEN, A.L.J. et al. Genetic parameters of ascites-related traits in broilers: effect of cold and normal temperatura conditions. *British Poultry Science*, v.46, p.35-42, 2005.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v.58, p.545-554, 1971.
- PÉGOLO, N.T. Interação genótipo-ambiente e sensibilidade ambiental em bovinos de corte. 2009. Tese (Doutorado em Genética) – Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.
- PEREIRA, J.C.C. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. Belo Horizonte, FEPMVZ Editora, 2004, 609 p.

POLLOT, G. E.; GREEFF, J. C. Genotype x environment interactions and genetic parameters for fecal egg count and production traits of Merino sheep. *Journal of Animal Science*, v.82, p. 2840-2851, 2004.

RAVAGNOLO, O.; I. MISZTAL. Genetic components of heat stress in dairy cattle, parameter estimation. *Journal of Dairy Science*, v. 83, p. 2126– 2130, 2000.

REIS, J. C.; LÔBO R. B. *Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos*. Ribeirão Preto, J.C.R./R.B.L., 1991. 194p.

RIBEIRO, S. Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas entre rebanhos e normas de reação utilizando abordagem bayesiana em bovinos de corte. 2010. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, v.15, p. 469-485, 1959.

ROBBINS, K.R.; MISZTAL, I. ; BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. *Journal of Animal Science*, v.83, n.1, p.29–33, 2005.

SAATCI, M.; DEWI, I. A.; AKSOY, A. R. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweights in one-to-one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 120, n. 1, p. 23-28, 2003.

SAATCI, M.; OMED, H.; DEWI, I.A. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry Science*, v.85, p.185-190, 2006.

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

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; MARTINS, E.N. et al. Trajetória de crescimento e efeito da idade da vaca nos modelos de regressão aleatória de bovinos jovens da raça Tabapuã. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.54, n.4, p.414-423, 2002.

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Efeito da interação grupo genético x nível de lisina sobre características de desempenho de codornas *Coturnix coturnix* de corte no período de crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.61, n.6, p.1382-1390, 2009.

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; VALENTE, B.D. et al. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARKAR, S. From the Reaktionsnorm to the adaptive norm: the norm of reaction, 1909-1960. *Biology and Philosophy*, v. 14, p. 235-252, 1999.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; PEREIRA, C.S. et al. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.58, n.1, p.68-77, 2006.

SARMENTO, J.L.R.; ALBUQUERQUE, L.G.; TORRES, R.A. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.10, p.1788-1796, 2008.

SCHAEFFER, L. R. 2001. *Random regression*. Disponível em <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ANSC637/LRS14/>> Acesso em: 16 out. 2006.

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

SCHEINER, S.M. Genetics and evolution of phenotypic plasticity. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, v.24, 35-68, 1993.

SCHLICHTING, C.D.; SMITH, H. Phenotypic plasticity: linking molecular mechanisms with evolutionary outcomes. *Evolutionary ecology* 16, 189-211, 2002.

SCHMALHAUSEN, I. I. *Factors of evolution: the theory of stabilizing selection*, University of Chicago Press, Chicago. 1949.

SEFTON, A. E.; SIEGEL, P. B. Inheritance of body weight in Japanese quail. *Poultry Science*, v. 53, p. 1597-1603, 1974.

SHAHIN, K. A. et al. Selection index alternatives for increased marketing body weight with minimum concomitant reduction in body bone percentage-recourse to tissue dissection on Japanese quail. *Archiv fur Tierzucht*, v. 43, n. 5, p. 535-543, 2000. Resumo.

STRANDBERG, E. Analysis of genotype by environment interactions using random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, *Proceedings...* Belo Horizonte: 2006, CD-ROM.

SU, G.; MADSEN, P.; LUND M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. *Journal of Animal Science*, v. 84, p. 1651-1657, 2006.

TOELLE, V. D. et al. Genetic and phenotypic relationships in Japanese quail. 1. Body weight, carcass, and organ measurements. *Poultry Science*, v.70, n. 8, p. 1679- 1688, 1991.

TON, A.P.S.; MARTINS, E.N.; GASPARINO, E. et al. Estimaco de parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso corporal em codornas de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43, 2006, João Pessoa. *Anais...* João Pessoa: SBZ, 2006. CD-ROM.

VALENTE, B.D. *Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro Oeste*. 2007. 39p. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento animal) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.S.; DIONELLO, N.J.L. et al. Interaction between methionine of diet and genotype in meat type quail. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C. et al. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.60, n.2, p.389-400, 2008.

VALI, N.; EDRISS, M.A.; RAHMANI, H.R. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, v.4, p.296-300, 2005.

- VAN DER WERF, J. H. J.; GODDARD, M.; MEYER, K. The use of covariance functions and random regression for genetic evaluation of milk production based on test day records. *Journal of Dairy Science*, v. 81, p. 3300–3308, 1998.
- VAN DER WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L. *Random regression in animal breeding*. Course Notes, Ontario: University of Guelph, 1997. 70p.
- VAN DIEPEN, T.A.; KENNEDY, B.W. Genetic correlations between test station and on-farm performance for growth rate and backfat in pigs. *Journal of Animal Science*, v.67, p.1425-1431, 1989.
- VAN EEUWIJK, F.A. Linear e bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. *Euphytica*, v.84, p.1-7, 1995.
- VARONA, L.; MORENO, C.; GARCÍA CORTÉS, L.A. et al. Multiple trait genetic analysis underlying biological variables of production functions. *Livestock Production Science*, v.47, p.201-209, 1997.
- VIA, S., GOMULKIEWICS, R., DE JONG, G., et al. Adaptive phenotypic plasticity: consensus and controversy. *Trends in Ecology and Evolution*, v.10, p. 212-217, 1995.
- VIANA, C. F. A.; SILVA, M.A.; PIRES, A.V. et al. Influência de grupos genéticos e de níveis de energia sobre características de carcaça de frangos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 29, n.4, p. 1067-1073, 2000.
- WEI, M.; VAN DER WERF, J. H. J. Genetic correlation and heritabilities for purebred and crossbred performance in poultry egg production traits. *Journal of Animal Science*, v.73, p.2220–2226, 1995.
- WENCESLAU, R.R.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. et al. Correlação genética e herdabilidade de pesos vivos de codornas de corte avaliados no períodos de crescimento. In: SIMPOSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 3, 2007, Lavras. *Anais...* Lavras, 2007. p.225.
- WINTER, E.M.W. *Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (Coturnix sp.)*. 2005. 91f. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, p.1684-1690, 2006.
- WOLTERECK, R.: ‘Weitere experimentelle Untersuchungen über Artveränderung, speziell über das Wesen quantitativer Artunterschiede bei Daphnien’, *Verhandlungen der deutschen zoologischen Gesellschaft*, v.19, p.110–173, 1909.
- YATES, F. *Sampling method for censuses and surveys*. Londres. Charles Griffin, 278p. 1949.
- ZEREHDARAN, S.; VEREIJKEN, A.L.J.; VAN ARENDONK, J.A.M. et al. Effect of age and housing system on genetic parameters for broiler carcass traits. *Poultry Science*, v.84, p.833-838, 2005.

CAPÍTULO 2

ESTIMATIVAS DA TRAJETÓRIA GENÉTICA DO CRESCIMENTO DE CODORNAS DE CORTE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

[Genetic trajectory estimates of meat type quail lines using random regression models]

RESUMO

Avaliou-se a trajetória genética do crescimento de codornas de corte (pesos corporais nos dias 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 de idade) de dois grupos genéticos, por modelos de regressão aleatória, sob modelo animal, obtendo-se estimativas de parâmetros genéticos visando definir a idade que resultaria em maior resposta à seleção. Foram pesadas 2.432 e 2.478 codornas, respectivamente, dos grupos genéticos EV1 e EV2, obtidas em três gerações de seleção. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se a sub-rotina DXMRR do DFREML. As estimativas de herdabilidade dos pesos corporais variaram, respectivamente, de 0,01 a 0,50, para o grupo genético EV1, e de 0,01 a 0,10, para o EV2, sendo as maiores estimativas obtidas para peso corporal no 42º dia de idade, em ambos os grupos genéticos. As correlações genéticas entre o peso a um dia e os demais pesos corporais, em ambos os grupos, foram negativas, e as correlações de ambiente permanente, de modo geral, foram maiores para EV2. Pode-se concluir que, para ambos os grupos, a seleção é mais eficiente se realizada no 42º dia de idade, porém respostas poderiam ser obtidas se as codornas fossem selecionadas em idades mais jovens para o grupo EV1.

Palavras-chave: codorna de corte, trajetória genética, herdabilidade, correlação genética, correlação de posto

ABSTRACT

Growth genetic trajectories of two quail meat type lines for body weights at hatch and 7, 14, 21, 28, 35, and 42 days of age were evaluated using random regression model, under animal model analysis. Genetic parameters estimates were obtained to establish the most adequate age for efficient selection. Body weights of 2,432 and 2,478 quails from EV1 and EV2 genetic lines, respectively, from three generations of selection were recorded. Genetic parameter estimates were obtained using DXMRR subroutine of the DFREML software. Heritability estimates ranged from .01 to .50 for EV1 and from .01 to .10 for EV2. For both genetic lines the highest heritability estimates were obtained for body weight at 42 days of age and genetic correlations between body weight at hatch and body weights recorded in other ages were all negatives and permanent environment correlations were higher for EV2 genetic line. The results suggest that selection to increase body weight for both genetic lines is more efficient when undertaken at 42 days of age, but reasonable responses to selection can also be obtained in younger ages for EV1 genetic line.

Keywords: Meat type quail, genetic trajectory, heritability, genetic correlation, rank correlation

1- Introdução

O Brasil não dispõe de material genético de codornas, tanto para a produção de ovos como para a produção de carne, e ambos os sistemas de produção ficam na dependência de matrizes importadas.

As codornas de corte apresentam maior porte e são mais indicadas para a produção de carne por obterem maiores pesos na mesma idade de abate do que as codornas japonesas, que têm sido utilizadas também para a produção de carne (Corrêa et al., 2006; Corrêa et al., 2007abcd).

Para se obter materiais genéticos de qualidade, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos. Os programas de melhoramento animal necessitam também de constante acompanhamento das características de importância econômica de cada linhagem. A partir de informações de parâmetros genéticos, são estabelecidos critérios de seleção para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior, geração após geração.

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

O uso de modelos de regressão aleatória tem sido proposto como alternativa para modelar características de crescimento, que são medidas repetidas na vida dos animais, sendo consideradas como dados longitudinais. Medidas repetidas de um mesmo indivíduo podem ser analisadas sob diferentes aspectos metodológicos. As abordagens mais utilizadas são os modelos de repetibilidade, que consideram todas as medidas como sendo o mesmo caráter (Johnston e Bunter, 1996; Pereira et al., 2000), ou os modelos de multicaracterísticas, que consideram cada medida como um caráter diferente (Johnston e Bunter, 1996; Gressler et al., 2000).

Em contraste com os modelos multicaracterísticas, que fornecem predições para determinados pontos ou idades, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer ponto desejado na escala de tempo utilizada e para funções da curva. Com isto, permitem melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são usadas para avaliação genética com potencial aumento da acurácia de seleção.

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais, pois suas funções de covariância resultantes são as mais apropriadas para a análise. Segundo El Faro e Albuquerque (2003), os MRA podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita, uma vez que existem medidas infinitas por indivíduo, e tais medidas são mais correlacionadas, quanto mais próximas elas forem.

Os MRA acomodam registros repetidos para caracteres que mudam gradualmente ao longo do tempo, não requerendo pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações (Meyer, 2000), e têm sido usados no melhoramento animal para modelar registros diários de produção de leite durante a lactação de bovinos leiteiros, assim como no crescimento corporal em bovinos de corte (Albuquerque e Meyer, 2001). Igualmente, os MRA permitem ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, descrevendo os desvios genéticos a partir de regressões fixas permitindo que cada animal tenha uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos (Meyer, 1998b).

Assim, o objetivo neste trabalho foi avaliar as características de crescimento de codornas de corte (pesos corporais nos dias 1, 7, 14, 21, 28, 35 e 42 de idade) de duas linhagens por meio de modelos de regressão aleatória, sob modelo animal, visando obter estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis dos pesos corporais ao longo da curva de crescimento e, conseqüentemente, maior eficiência na seleção das aves.

2- Material e métodos

Foram analisadas informações de pesos corporais registrados durante o período de crescimento de 2.432 e 2.478 codornas de corte, respectivamente, dos grupos genéticos EV1 e EV2, provenientes de três gerações sucessivas de seleção pelo peso corporal aos 42 dias de idade, dentro do programa de melhoramento genético de codornas, desenvolvido na Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais. Para controle de *pedigree*, machos e fêmeas foram alojados individualmente em gaiolas, sendo a reprodução realizada levando-se o macho às fêmeas, numa proporção de um macho para duas fêmeas. Para o controle de *pedigree*, os ovos foram coletados, identificados por pai e mãe por meio de adesivos numerados, e incubados.

No 17º dia, os ovos foram transferidos para bandejas de eclosão devidamente divididas em células que permitiram as separações das famílias de irmãos completos. Ao nascimento, cada uma das codorninhas foi pesada e identificada por intermédio de anilha especialmente confeccionada na UFMG, a partir de canudinhos usados para consumo de refrigerantes, com dimensão de quatro mm, e numerados sequencialmente, de tal forma a permitir o controle de *pedigree*. As anilhas, por não serem expansíveis, foram trocadas por anilhas maiores e importadas, a partir do 7º dia idade. A característica principal avaliada foi o peso corporal, que foi registrado ao nascimento e aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de vida das codornas, sendo a seleção das codornas para a reprodução da próxima geração realizada no 42º dia de idade.

O período de coleta de ovos para incubação foi após a 17ª semana de idade das codornas nas gerações um e três e na sétima semana para a geração dois. O número de fêmeas utilizadas da primeira à terceira geração e o número de aves pesadas até o final do período, para os dois grupos genéticos, são apresentados na Tab1.

Tabela 1. Número de fêmeas utilizadas e de codornas pesadas até o final do período para os dois grupos genéticos, em cada geração

Geração	Grupo genético EV1		Grupo genético EV2	
	Mães	Filhos	Mães	Filhos
Primeira	148	524	119	460
Segunda	207	460	183	401
Terceira	177	1.448	164	1.617
Total		2.432		2.478

O modelo utilizado na análise de regressão aleatória da trajetória genética do crescimento das codornas, sob modelo animal foi:

$$y_{ijkm} = S_j + GC_k + \sum Z_{dm} a_{di} + \sum Z_{dm} p_{di} + \sum Z_{dm} r_{di} + e_{ijkm},$$

em que y_{ijkm} é o peso corporal do indivíduo i do sexo j , pertencente ao grupo de contemporâneos k (geração e eclosão), na idade em dias m ($m = 1, \dots, 42$); S_j e GC_k são vetores que contêm coeficientes de regressão, respectivamente, para os efeitos fixos de sexo j e grupo de contemporâneos k ; a_{di} , p_{di} e r_{di} são os vetores dos coeficientes de regressão aleatória que descrevem a trajetória dos efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente do animal e dos erros de cada animal i ; Z_{dm} é o vetor dos coeficientes polinomiais de Legendre ($d=3$) que foram utilizados para a modelagem da estrutura de covariância entre os pesos corporais na parte genética e permanente; e_{ijkm} é o efeito aleatório residual associado a y_{ijkm} .

As análises dos pesos às várias idades foram realizadas utilizando-se o programa DFREML, opção DXMRR (Meyer, 1998a), apresentado por Silva et al. (2006). Na obtenção dos arquivos de *pedigree* foi utilizada a sub-rotina MTDNRM do programa MTDFREML (Boldman et al., 1993).

De posse dos resultados das trajetórias genéticas do crescimento de cada indivíduo estimaram-se valores genéticos, variâncias genéticas, fenotípicas, de ambiente permanente e herdabilidades dos pesos para idades de interesse, ao longo do período de crescimento das codornas.

Para avaliar a possibilidade de modificação da curva de crescimento por meio da seleção, as equações que descreveram as trajetórias genéticas de crescimento foram agrupadas por pais (289 para

EV1 e 248 para EV2) das codornas das três gerações, e os pais foram ordenados de acordo com as médias dos valores genéticos dos parâmetros b1 e b2 (declividades) e a (intercepto), por meio da subrotina Proc Corr (Spearman) do programa SAS (User's..., 1996), para cálculo da correlação de posto.

3- Resultados e discussão

Na Tab. 2 são apresentadas as diversas variâncias e herdabilidades dos pesos corporais dos grupos genéticos EV1 e EV2. Os resultados mostram o comportamento diferenciado dos dois grupos genéticos: o grupo EV1, com maior variabilidade genética e valores de herdabilidade aumentando ao longo do período de crescimento (do nascimento ao 42º dia de idade), enquanto o grupo genético EV2, com variabilidade genética aditiva muito baixa e maior valor estimado da herdabilidade para o peso corporal no 42º dia de idade. De modo geral, as variâncias de ambiente permanente, obtidas para o grupo genético EV2, foram maiores do que as do grupo genético EV1. Deve-se registrar que o grupo genético EV2, apesar de apresentar menor variabilidade genética, o que corresponde a menor resposta ao processo seletivo, apresenta codornas com pesos corporais muito semelhantes às do grupo genético EV1.

Os valores obtidos de herdabilidade para peso corporal do grupo genético EV1 são semelhantes aos obtidos por Akbas et al. (2004) que, ao usarem modelos de regressão aleatória para avaliarem o crescimento de codornas de corte, encontraram aumento linear nos valores de herdabilidades dos pesos corporais até o 28º dia de idade, com a variância genética dos pesos corporais avaliados diminuindo ao final do período. Os valores de herdabilidades estimados do peso ao nascer, aos 35 e aos 42 dias de idade do grupo genético EV2 foram bem menores do que os observados pelos referidos autores.

Tabela 2. Variâncias genética aditiva e de ambiente permanente, e herdabilidades dos pesos corporais em codornas de corte dos grupos genéticos EV1 e EV2

Parâmetros	Idade (dias)						
	1	7	14	21	28	35	42
	EV1						
σ_a^2	1,45	7,33	44,98	106,52	189,66	299,88	450,38
σ_c^2	2,36	16,30	76,70	139,51	186,66	230,50	313,81
σ_p^2	132,75	152,57	250,62	374,97	505,26	659,31	893,13
h_a^2	0,01	0,05	0,18	0,28	0,38	0,45	0,50
	EV2						
σ_a^2	0,25	1,78	5,16	4,65	5,48	24,40	89,74
σ_c^2	3,11	20,74	108,36	224,04	352,07	508,41	740,76
σ_p^2	119,65	138,81	229,80	344,98	473,83	649,09	946,78
h_a^2	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,04	0,10

* σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_c^2 = variância de ambiente permanente; σ_p^2 = variância fenotípica; e h_a^2 = herdabilidade.

Os resultados obtidos por Saatci et al. (2006) para herdabilidades de pesos corporais no 14º dia de idade de codornas poedeiras, usando modelo de características múltiplas, são similares aos observados para o grupo genético EV1 ($h^2=0,18$) e maiores para pesos nas demais idades, exceto para peso ao nascer. Os autores (Saatci et al., 2003 e 2006) recomendam que a seleção para peso de codornas poedeiras, com melhor possibilidade de sucesso, deveria ser realizada entre o 7º e o 28º dia de idade.

As moderadas a altas herdabilidades, obtidas para peso corporal do grupo genético EV1, foram menores do que as obtidas por Winter (2005) que, ao utilizar procedimentos Bayesianos, obteve estimativas de 0,25, 0,43, 0,53 e 0,62 para pesos corporais aos 7º, 14º, 28º e 42º dias de idade.

As correlações genéticas, dos efeitos permanentes e fenotípicas entre pesos corporais nas diversas idades são apresentadas na Tab. 3, respectivamente, para os grupos genéticos EV1 e EV2.

Tabela 3. Correlações genéticas, de efeitos permanentes e fenotípicas entre pesos corporais nas diversas idades, para os grupos genéticos EV1 e EV2

Idades	Correlações					
	Genéticas		Ambiente permanente		Fenotípicas	
	EV1	EV2	EV1	EV2	EV1	EV2
P1 x P2	-0,96	-0,96	-0,99	-0,99	-0,07	-0,07
P1 x P3	-0,95	-0,92	-0,99	-0,99	-0,12	-0,12
P1 x P4	-0,92	-0,69	-0,98	-0,95	-0,13	-0,13
P1 x P5	-0,86	0,20	-0,91	-0,88	-0,13	-0,12
P1 x P6	-0,78	0,77	-0,76	-0,75	-0,12	-0,10
P1 x P7	-0,68	0,90	-0,49	-0,58	-0,09	-0,07
P2 x P3	0,99	0,99	0,99	0,99	0,27	0,28
P2 x P4	0,97	0,87	0,96	0,96	0,31	0,31
P2 x P5	0,93	0,09	0,88	0,89	0,30	0,30
P2 x P6	0,86	-0,56	0,70	0,76	0,26	0,25
P2 x P7	0,78	-0,74	0,42	0,59	0,20	0,18
P3 x P4	0,99	0,93	0,99	0,99	0,56	0,56
P3 x P5	0,96	0,21	0,93	0,94	0,56	0,56
P3 x P6	0,91	-0,45	0,79	0,84	0,52	0,50
P3 x P7	0,84	-0,65	0,53	0,69	0,43	0,39
P4 x P5	0,99	0,57	0,98	0,98	0,69	0,69
P4 x P6	0,96	-0,08	0,87	0,92	0,66	0,65
P4 x P7	0,91	-0,32	0,65	0,80	0,58	0,56
P5 x P6	0,99	0,78	0,96	0,98	0,75	0,76
P5 x P7	0,96	0,60	0,80	0,90	0,70	0,70
P6 x P7	0,99	0,97	0,94	0,97	0,80	0,82

P1= peso corporal ao nascer; P2= peso corporal aos 7 dias; P3= peso corporal aos 14 dias; P4= peso corporal aos 21 dias; P5= peso corporal aos 28 dias; P6= peso corporal aos 35 dias e P7= peso corporal aos 42 dias.

Os resultados para o grupo genético EV1 mostram correlações genéticas negativas e de média a alta magnitude, entre o peso ao nascer e os demais pesos corporais, o que sugere que seleção não deve ser realizada com base no peso ao nascer. A partir do 7º dia de idade, as correlações genéticas entre os pesos corporais apresentam-se altas e positivas, indicando que já se pode admitir a seleção das codornas para peso, principalmente a partir do peso corporal aos 28 dias de idade, quando ocorre aumento expressivo no valor da herdabilidade da característica, para este grupo genético.

Igualmente, pode-se verificar que, a partir do peso corporal aos 21 dias de idade, as correlações genéticas entre os pesos corporais são elevadas, o que é semelhante aos resultados obtidos por Vali et al. (2005) que, ao trabalharem com pesos corporais de duas linhagens de codornas, encontraram, no período de 35 a 63 dias, correlações genéticas positivas e altas, entre pesos corporais medidos aos 35, 42, 49 e 63 dias de idade.

As correlações genéticas obtidas neste estudo são também semelhantes aos resultados observados por Winter et al. (2006) que trabalharam com pesos corporais dos 7º, 14º, 21º, 28º e 42º dias de idade, encontrando maiores correlações genéticas entre pesos corporais no 28º e 42º dias de idade.

As correlações de ambiente permanente apresentam-se, de modo geral, semelhantes às correlações genéticas, o que evidencia a forte importância do efeito permanente entre os pesos corporais medidos, sendo que, de modo geral, foram maiores para o grupo genético EV2.

As correlações fenotípicas apresentam valores erráticos de baixa magnitude e à semelhança dos valores genéticos, apresentam-se negativas para o relacionamento entre o peso ao nascimento e os demais pesos corporais.

Os resultados observados para o grupo genético EV2, na maioria das vezes, mostram-se semelhantes aos do grupo genético EV1, quanto às três correlações (genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas). Entretanto, para as idades referentes aos 28º, 35º e 42º dias, as correlações apresentam-se erráticas, especialmente baixas e negativas, discordando de resultados de Vali et al. (2005) e Winter et al. (2006), que encontraram para pesos corporais de duas linhagens de codornas, no período de 35 a 63 dias, correlações genéticas positivas e altas.

As correlações de posto entre os parâmetros dos modelos de regressão aleatória, obtidas para os dois grupos genéticos, são apresentadas na Tab. 4.

Tabela 4. Correlações de posto entre os parâmetros das regressões aleatórias, obtidas para os dois grupos genéticos

		EV1	
	a	b1	b2
a		0,97	-0,30
b1			-0,08
		EV2	
	a	b1	b2
a		0,83	0,65
b1			0,96

Os resultados mostram novamente diferença entre os dois grupos genéticos, sendo a correlação de posto, positiva e alta para o grupo genético EV1 entre o intercepto e a declividade (a e b1) e para o grupo genético EV2 entre as declividades (b1 e b2). Entre os outros parâmetros, os valores foram negativos e baixos para EV1 e positivos e médio-alto, para o grupo genético EV2. Esta alta e positiva correlação mostra que o mesmo grupo de pais apresenta parâmetros similares, mas com grande dependência entre o intercepto (a) e declividade (b1) para o grupo genético EV1 e entre b1 e b2 para o grupo genético EV2. A ordenação dos pais se mantém ao utilizar um ou outro desses parâmetros. Os resultados mostram que existe a possibilidade de seleção visando à alteração da curva de crescimento, uma vez que os melhores indivíduos são, no processo seletivo, filhos dos melhores pais. Para o grupo genético EV1, essa seleção será mais efetiva para peso corporal, após o 7º dia dentro do período de crescimento e, para o grupo genético EV2, a melhor resposta será para o peso corporal no final do período de crescimento (42º dia de idade).

4- Conclusões

O grupo genético EV1 apresentou maior variabilidade genética, com estimativas maiores de herdabilidades dos pesos corporais às diversas idades, sendo os valores crescentes do nascimento ao 42º dia de idade. O grupo genético EV2 caracteriza-se por pouca variabilidade genética e baixa magnitude das herdabilidades dos pesos corporais, com maiores valores de herdabilidades dos pesos corporais no 35º e 42º dias de idade. As trajetórias genéticas de crescimento indicam que a seleção dentro do grupo genético EV1 para peso corporal poderia ser realizada com sucesso, em decorrência também dos valores de herdabilidades das características, em idades mais jovens, exceto para peso ao nascimento, enquanto, para o grupo genético EV2, a seleção poderia ser feita ao final do período de crescimento e apresentando baixa resposta à seleção.

5- Referências bibliográficas

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *Journal of Animal Science*, v.79, p.2776-2789, 2001.
- AKBAS, Y.; TAKMA, C.; YAYLAK, e. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal of Animal Science*, v.34, p.104-109, 2004.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. *A manual for use of MTDFREML*. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance. Lincoln: USDA/ARS, 1993. 120p.
- CORRÊA, G. S. S.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B. et al. Desempenho de codornas de corte EV1 alimentadas com diferentes níveis de lisina na dieta. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.1545-1553, 2007d.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de metionina + cistina para codornas de corte em crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.58, p.414-420, 2006.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável em codornas de corte durante a fase de crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.488-494, 2007a.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.797-804, 2007b.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta para codornas de corte EV1 em crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.1278-1286, 2007c.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.32, p.1104-1113, 2003.
- GRESSLER, S.L.; BERGMAN, J.A.G.; PEREIRA, A.S. et al. Estudo das associações entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.29, p.427-437, 2000.
- JOHNSTON, D.J.; BUNTER, K.L. Days to calving in Angus cattle: genetic and environmental effects, and covariances with other traits. *Livestock Production Science*, v.45, p.13-22, 1996.
- MEYER, K. "DXMRR"- a program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale, Australia. *Proceedings...* Armidale, Australia, 1998a. p.465-466.
- MEYER, K. Modeling repeated records: covariance functions and random regression models to analyze animal breeding data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale, Australia. *Proceedings...* Armidale, Australia, 1998b. p.517-520.
- MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. *Livestock Production Science*, v.65, p.19-38, 2000.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Correlação genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.29, p.1676-1683, 2000.

SAATCI, M.; DEWI, I.A.; AKSOY, A.R. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweight in one-to-on sire and dam pedigree recorded Japanese quail. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.120, p.23-28, 2003.

SAATCI, M.; OMED, H.; DEWI, I.A. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. *Poultry Science*, v.85, p.185-190, 2006.

SILVA, M.A.; SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; VENTURA, R.V. *Manual de utilização do programa DFREML – Máxima verossimilhança restrita livre de derivadas*. 1.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2006. 99p.

USER'S guide: statistical analysis system. Release 6.11. Cary, NC: SAS Institute, 1996.

VALI, N.; EDRISS, M.A.; RAHMANI, H.R. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*, v.4, p.296-300, 2005.

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

WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, p.1684-1690, 2006.

CAPÍTULO 3

SENSIBILIDADE DE VALORES GENÉTICOS DE CODORNAS DE CORTE EM CRESCIMENTO ÀS MODIFICAÇÕES DE NÍVEIS DE PROTEÍNA DAS DIETAS

[Sensitivity of genetic values of growing meat-type quails to changes in protein levels of diet]

RESUMO

Um total de 5240 informações de peso de progênies provenientes de 200 reprodutores e 400 reprodutoras, alimentadas com dietas com níveis de proteína bruta que variaram de 24 a 30%, e nível de 2900kcal de energia metabolizável, foi utilizado para avaliar a sensibilidade de valores genéticos de duas linhagens de codornas de corte, EV1 e EV2, em relação às mudanças de níveis proteicos das dietas, utilizando-se modelos de regressão aleatória. As codornas com maior valor genético aditivo para peso no ambiente médio (nível proteico igual a zero em uma escala de -1 a 1) respondem de maneira positiva ao aumento do nível proteico da dieta, sendo mais importante para a linhagem EV2 e de pouca expressão para a linhagem EV1, no 21º dia de idade. No 42º dia de idade, codornas da linhagem EV1 apresentam aumento de dispersão dos valores genéticos com o aumento dos níveis proteicos da dieta, indicando heterogeneidade de sensibilidades dos valores genéticos aditivos à mudança ambiente, ou à existência de interação genótipo x ambiente. Codornas EV2 apresentaram aumento de dispersão dos valores genéticos em função do nível proteico em ambas as idades. A interação genótipo x nível proteico interfere em menores idades na expressão fenotípica da linhagem EV2. As herdabilidades estimadas apresentaram alta variação e maior magnitude para maiores níveis de proteína bruta na dieta, indicando maior resposta à seleção para níveis mais elevados de proteína da dieta, à exceção da linhagem EV1, no 21º dia de idade. Avaliações genéticas realizadas para codornas alimentadas com dietas contendo determinado nível proteico não permitiriam a predição de valores genéticos válidos para outros níveis proteicos das dietas, à exceção da linhagem EV1, no 21º dia de idade.

Palavras-chave: codorna de corte, norma de reação, interação genótipo x ambiente

ABSTRACT

A total of 5,240 body weight records of quail of offsprings from 200 males and 400 females matings, fed crude protein diet levels varying from 24 to 30% and 2,900kcal of metabolizable energy, was used to evaluate the sensitivity of genetic values of two meat strains, EV1 and EV2, to changes in crude protein levels of diets, using random regression models. Quails showing higher body weight genetic value in the average environment (crude protein level equal to zero in a scale varying from -1 to 1) respond positively to an increase in crude protein level of diet, this change is more important for EV2 quails (higher slope) and of small magnitude for EV1 quails at 21 days of age. EV1 quails at 42 days of age showed remarked increase in the dispersion for breeding values as crude protein level increased in the diets, suggesting heterogeneity of slope of the breeding values to change in protein level of diets or suggesting a genotype x protein level of diet interaction. EV2 quails showed an increase in the breeding values in function of crude protein level of diet for both ages. Genotype x protein level of diet interferes earlier in the phenotype expression of EV2 quails. Heritability estimates showed a sizeable variation and were of higher values for quails fed higher protein level diets, except for EV1 quails at 21 days of age. Genetic evaluations of quails fed specific crude protein level do not allow a prediction of valid breeding values for quails fed other crude protein level of diet.

Keywords: meat-type quail, reaction norm, genotype x environment interaction

1- Introdução

Modelos clássicos de avaliação genética atribuem a cada animal um valor genético válido para qualquer ambiente. Isso nem sempre é verdadeiro, pois, para determinadas características, pode ocorrer heterogeneidade de variância genética ou modificações na ordem de classificação dos valores genéticos estimados para os diferentes ambientes. A modificação na variância genética ou na ordem de classificação dos valores genéticos em função do ambiente caracteriza a interação genótipo x ambiente que pode resultar em desempenhos para o ambiente de produção diferentes em relação ao predito com base em avaliação genética realizada em ambiente de seleção (Falconer, 1989).

Parâmetros genéticos de peso corporal em codornas foram estimados para diferentes idades por intermédio de abordagens multicaracterísticas (Saatci et al., 2006) e modelos de regressão aleatória em função da idade (Akbas et al., 2004; Dionello et al., 2006). Porém, não há estudos na literatura sobre a heterogeneidade contínua destes parâmetros, ou sobre a heterogeneidade de sensibilidades de valores genéticos aditivos preditos, decorrentes da modificação gradual do ambiente, o que caracteriza interação genótipo x ambiente.

Dentre os fatores de ambiente, nos sistemas de produção de codornas de corte, os níveis proteicos da dieta se destacam. A proteína é o nutriente mais caro da dieta de codornas de corte (Corrêa et al., 2007b), sendo responsável por considerável parte do custo de programas de seleção (Ferreira et al., 2004).

Uma estratégia para diminuir esse custo seria utilizar dietas com níveis de proteína bruta abaixo daquele que maximiza a produção ou o lucro. Porém, essa estratégia só resulta em predições de valores genéticos válidos para dietas com diferentes níveis proteicos se houver homogeneidade de sensibilidades dos valores genéticos de diferentes indivíduos à modificação do nível de proteína bruta da dieta.

A interação genótipo x ambiente pode ser analisada por intermédio de modelos de regressões aleatórias, nos quais o valor genético de cada animal avaliado é considerado como função do ambiente (Kolmodin et al., 2002). Essa abordagem possibilita a predição e a comparação dos valores genéticos e a estimação da variância genética para qualquer ambiente dentro de um intervalo definido, mesmo na presença de heterogeneidade de variância e de sensibilidades de valores genéticos à modificação do ambiente.

A existência de heterogeneidade de sensibilidades genéticas ao nível proteico da dieta indicaria, para a maximização do potencial genético, que os programas de seleção devem ser realizados para nível específico de proteína da dieta.

No Brasil, existem diversas pesquisas que visam estabelecer o desempenho máximo de codornas de linhagens específicas quanto aos níveis proteicos da dieta (Fridrich et al., 2005; Corrêa et al., 2005; Corrêa et al., 2007a, b, c), quanto aos níveis de aminoácidos sulfurosos, metionina + cistina (Corrêa et al., 2006), e de lisina (Corrêa et al., 2007d) e da interação genótipo específico versus nível nutricional da dieta (Valente et al., 2006). Nenhum trabalho foi realizado para avaliar o desempenho de progênies de diferentes reprodutores alimentadas com diferentes níveis proteicos, principalmente no que se refere ao estudo da interação genótipo x ambiente, cujos resultados pudessem subsidiar programas de seleção de codornas de corte.

Assim, o objetivo deste estudo foi, por intermédio de modelos de regressões aleatórias, investigar a presença de interação genótipo x nível de proteína da dieta no peso ao 21º e 42º dias de idade, em duas linhagens de codornas de corte.

2- Material e métodos

As informações de codornas de corte utilizadas nestas análises são provenientes de experimentos realizados no setor de coturnicultura da Escola de Veterinária da UFMG. Progênies de 100 reprodutores e 200 reprodutrices foram alimentadas com dietas com níveis de proteína que variaram de 24 a 30%, e nível de 2900kcal de energia metabolizável (Tab. 1).

Tabela 1. Composição das dietas experimentais de codornas alimentadas com dietas únicas do nascimento ao 42º dia de idade

Ingrediente (%)	Nível de proteína bruta (%)			
	24	26	28	30
Milho	46,862	40,640	33,812	27,280
Farelo de soja	42,087	47,461	53,112	58,620
Farelo de trigo	4,000	4,000	4,000	4,000
Óleo de soja	3,736	4,715	5,871	6,941
Calcário	1,086	0,998	1,041	1,018
Fosfato bicálcico	0,924	0,921	0,867	0,839
Suplem. min. e vit. ¹	0,500	0,500	0,500	0,500
Sal comum	0,266	0,236	0,256	0,251
DL-metionina	0,138	0,193	0,229	0,275
L-treonina	0,102	0,136	0,162	0,195
Inerte	0,300	0,200	0,150	0,080
Total	100,00	100,00	100,00	100,00
Composição calculada				
Proteína bruta (%)	24,00	26,00	28,00	30,00
En. metab. (kcal/kg)	2900	2900	2900	2900
Cálcio (%)	0,80	0,80	0,80	0,80
Fósforo disponível (%)	0,30	0,30	0,30	0,30
Met.+ cist. (%)	0,87	0,99	1,05	1,14
Metionina (%)	0,60	0,68	0,74	0,81
Lisina (%)	1,31	1,48	1,59	1,73
Treonina (%)	1,02	1,13	1,24	1,35

¹Composição por quilo= vit A: 2.000.000UI; vit D₃: 375.000UI; vit e: 3.750mg; vit k₃: 500mg; vit B₁: 250mg; vit B₂: 750mg; vit B₆: 500mg; vit B₁₂: 3.750mcg; niacina: 6.250mg; ac. Pantotênico: 2.500mg; biotina: 10mg; ac. Fólico: 125mg; colina: 75.000mg; selênio: 45mg; iodo: 175mg; ferr: 12.525mg; cobre: 2.500mg; manganês: 19.500mg; zinco: 13.750mg; avilamicina: 15.000mg; narasin: 12.250mg; B.H.T.: 500mg; vit C: 12.500mg.

O conjunto de dados constituiu-se de pesagens realizadas no 21º e 42º dia de idade em codornas de corte de duas linhagens distintas: EV1 e EV2. A descrição dos arquivos de dados encontra-se na Tab. 2. O banco de dados, após descarte de observações de codornas cujo sexo não foi identificado e que apresentaram peso maior ou menor que três desvios-padrão em relação ao peso médio das codornas em cada idade, continha a identificação do animal, pai, mãe, sexo, pesos das codornas no 21º e 42º dias de idade e nível de proteína bruta da dieta (24, 26, 28 e 30%). Para fins de análises, as informações disponíveis foram divididas em quatro arquivos distintos, um para cada combinação de linhagem e idade.

Tabela 2. Descrição dos arquivos contendo pesos de codornas das linhagens EV1 e EV2 no 21º e 42º dias de idade

Número de observações	EV1		EV2	
	21 dias	42 dias	21 dias	42 dias
Número de total observações	1467	1432	1180	1161
Número de observações (24%PB)	600	605	516	520
Número de observações (26%PB)	182	163	91	92
Número de observações (28%PB)	383	388	190	195
Número de observações (30%PB)	302	276	383	354
Animais incluídos na matriz de parentesco	1842	1812	1455	1440

O nível de proteína bruta da dieta *i*, transformado para uma escala de -1 a 1, foi obtido da seguinte maneira:

$$i = -1 + 2 \left(\frac{\text{nível de proteína bruta na dieta} - \text{menor nível protéico}}{\text{maior nível protéico} - \text{menor nível protéico}} \right)$$

O modelo utilizado nas análises considerou os efeitos fixos de sexo e os aleatórios genéticos aditivos diretos como funções do nível de proteína bruta da dieta. Dessa maneira, para cada sexo e valor genético, foram atribuídos um conjunto de coeficientes de regressão específicos que representam o comportamento desses efeitos no intervalo entre 24% e 30% de proteína.

O mesmo modelo foi utilizado nas quatro análises que envolveram combinações de linhagem e peso, salvas em quatro arquivos. O modelo para análise dos dados é representado por:

$$y_{hij} = \sum_{k=0}^1 b_{jk} x_k(i) + \sum_{k=0}^1 a_{hk} x_k(i) + e_{hij}, \text{ em que:}$$

y_{hij} é a observação do animal h , do sexo j , alimentado com dieta de nível proteico i ; b_{jk} é o coeficiente de regressão fixo k atribuído ao sexo j , a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatório k de efeito genético aditivo direto atribuído ao animal h , $x_k(i)$ é o polinômio natural k atribuído ao nível proteico i e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} , sendo este o único efeito que não foi considerado uma função do nível de proteína bruta da dieta.

O modelo em notação matricial foi descrito como:

$$y = Xb + Za + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de observações, b é o vetor com coeficientes de regressão relativos aos efeitos fixos de sexo, a é o vetor com coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito genético aditivo direto, X e Z são matrizes de incidência dos efeitos em b e a , contendo polinômios naturais relativos ao nível de proteína bruta utilizado na observação; e e é o vetor dos resíduos.

Considera-se, ainda, que:

$$E(y) = Xb$$

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0b_1} \\ \sigma_{b_0b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix}$$

$$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + I_n \sigma_e^2$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G & \phi \\ \phi & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$\sigma_{b_0}^2$ e $\sigma_{b_1}^2$ são componentes de variância atribuídas aos coeficientes de regressão constante e linear do efeito genético aditivo direto, $\sigma_{b_0b_1}$ é o componente de covariância entre os coeficientes de regressão constante e linear do efeito genético aditivo direto, σ_e^2 é o componente de variância residual, A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright e n é o número de observações.

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por intermédio do programa REMLF90 (Misztal, 2001) que utiliza a maximização da esperança da função de máxima verossimilhança restrita (EMREML). O critério de convergência utilizado, definido pelo quadrado médio das diferenças entre soluções consecutivas, foi de 1×10^{-11} .

Após a obtenção de G , estimações das variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas para qualquer nível proteico ou combinação de níveis proteicos tornam-se possíveis e foram obtidas por meio de funções de covariância (Kirkpatrick et al., 1990). A partir dessas funções, obtém-se a

estrutura de covariância genética aditiva direta em função do nível proteico da dieta. Assim, a covariância genética aditiva direta entre os níveis proteicos i e j ($\sigma_{a_{ij}}$) foi obtida por:

$$\sigma_{a_{ij}} = Z_i G Z_j'; \text{ em que}$$

$$Z_i = [x_o(i) \quad x_1(i)]$$

$$Z_j = [x_o(j) \quad x_1(j)]$$

Uma vez estimada a estrutura de variância genética para pesos ao 21° e 42° dias de idade, a herdabilidade direta da característica foi também estimada para qualquer ponto entre 24 e 30% de proteína bruta da dieta, da seguinte maneira:

$$h_{d_i}^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_e^2}; \text{ em que } i \text{ representa o nível proteico da dieta.}$$

3- Resultados e discussão

Os componentes de covariância estimados dos coeficientes de regressão aleatória e dos resíduos para cada uma das quatro análises realizadas são apresentados na Tab. 3. De modo geral, a variância estimada para o coeficiente de regressão aleatória do intercepto é maior do que a estimada para o coeficiente de regressão aleatória linear. Os dois coeficientes apresentaram, em todas as análises, associação positiva. As correlações entre coeficientes de regressão aleatória do intercepto e o linear do efeito genético aditivo direto foram 0,03 (EV1 – 21 dias de idade), 0,34 (EV1 – 42 dias de idade), 0,94 (EV2 – 21 dias de idade) e 0,93 (EV2 – 42 dias de idade), com maior associação observada para a linhagem EV2. Este resultado indica que maiores valores genéticos aditivos para peso no ambiente médio (nível proteico igual a zero, numa escala de -1 a 1) respondem de maneira positiva ao aumento do nível proteico da dieta. Isso é mais importante para valores genéticos da linhagem EV2 e tem pouca importância para as da linhagem EV1, no 21° dia de idade.

Tabela 3. Componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0) e linear (b_1) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis proteicos da dieta e variâncias residuais estimados para as linhagens EV1 e EV2, no 21° e 42° dias de idade

	EV1			
	21		42	
	b_0	b_1	b_0	b_1
b_0	38,16		257,6	
b_1	0,1592	0,7462	39,18	50,8
Residual	195,8		328,9	
	EV2			
	21		42	
	b_0	b_1	b_0	b_1
b_0	41,83		220,4	
b_1	9,242	2,315	57,63	17,53
Residual	152,5		475,6	

Normas de reação para 25 codornas, amostradas entre todas as avaliadas, para cada análise, estão representadas na Fig. 1. No 42° dia de idade, codornas da linhagem EV1 apresentaram apreciável aumento de dispersão dos valores genéticos com o aumento dos níveis proteicos da dieta. Esse comportamento indica heterogeneidade de sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. Porém, no 21° dia de idade,

não se observaram modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos em função dos níveis de proteína bruta da dieta. Por sua vez, codornas da linhagem EV2 apresentaram aumento de dispersão dos valores genéticos em função do nível proteico no 21° e 42° dia de idade. Os resultados sugerem que a interação genótipo x ambiente interfere em menores idades na expressão fenotípica da linhagem EV2 comparadas às da linhagem EV1.

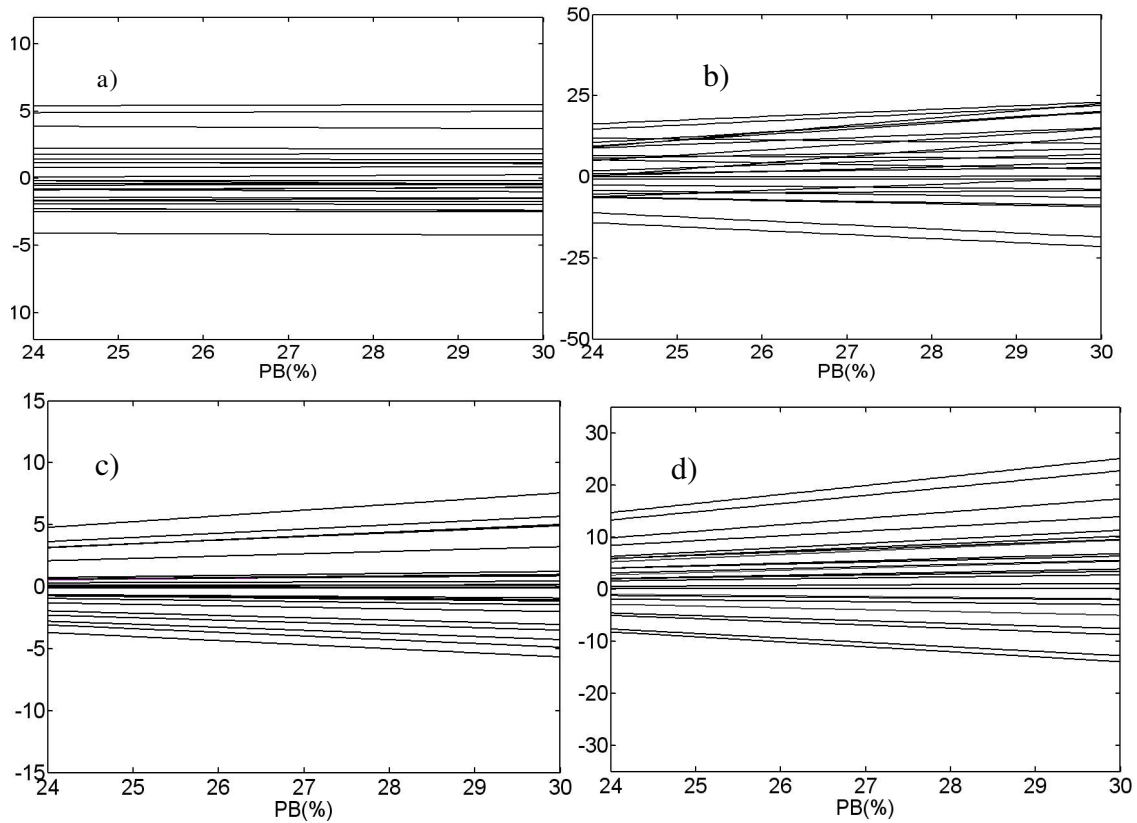


Figura 1. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente no 21° e 42° dias para linhagens EV1 e EV2 (a: EV1-21 dias; b: EV1- 42 dias; c: EV2- 21 dias; d: EV2-42 dias).

As estruturas de covariância genéticas aditivas diretas estimadas são apresentadas na Fig. 2. A estrutura estimada para a linhagem EV1 no 21° dia de idade apresenta comportamento coerente com as normas de reação para as codornas amostradas na mesma linhagem e idade. Os valores de variância e covariância não apresentam intensas modificações quando estimados para diferentes idades ou combinações de idades dentro do intervalo considerado. O mesmo não foi observado para as estruturas de covariância estimadas para peso no 42° dia na linhagem EV1, e no 21° e 42° dia de idade na linhagem EV2. As superfícies estimadas para essas combinações de idade e linhagem apresentaram intensa inclinação em direção aos maiores valores dos eixos x e y, indicando maiores valores de covariância para as combinações entre os maiores valores de nível proteico.

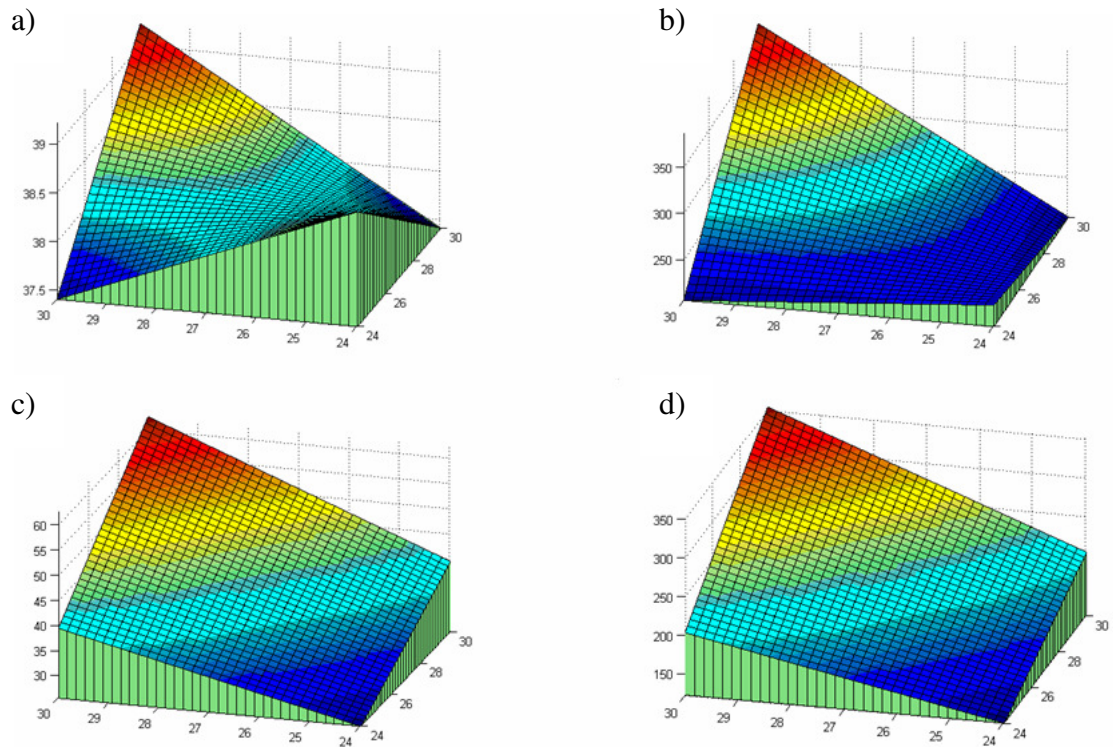
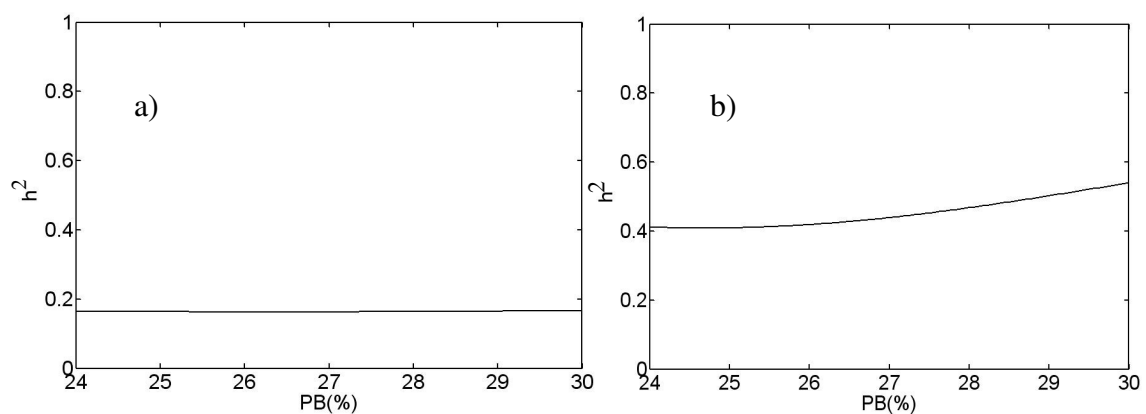


Figura 2. Estruturas de covariância (kg^2) do efeito genético aditivo direto em função do nível proteico da dieta estimadas no 21º e 42º dias, para as linhagens EV1 e EV2 (a: EV1-21 dias; b: EV1-42 dias; c: EV2-21 dias; d: EV2-42 dias).

As herdabilidades estimadas para todas as combinações de idade e linhagem são apresentadas na Fig. 3. Para as duas linhagens, as herdabilidades estimadas apresentaram maiores valores para pesos no 42º dia em relação às estimativas para pesos no 21º dia de idade, o que indica que ocorre crescimento da porção da variância fenotípica que é atribuída à variância genética aditiva direta em idades mais avançadas. Dessa forma, respostas à seleção, em relação à variância fenotípica, ocorrem de maneira mais intensa quando se utiliza o valor genético de peso no 42º dia, no critério de seleção.



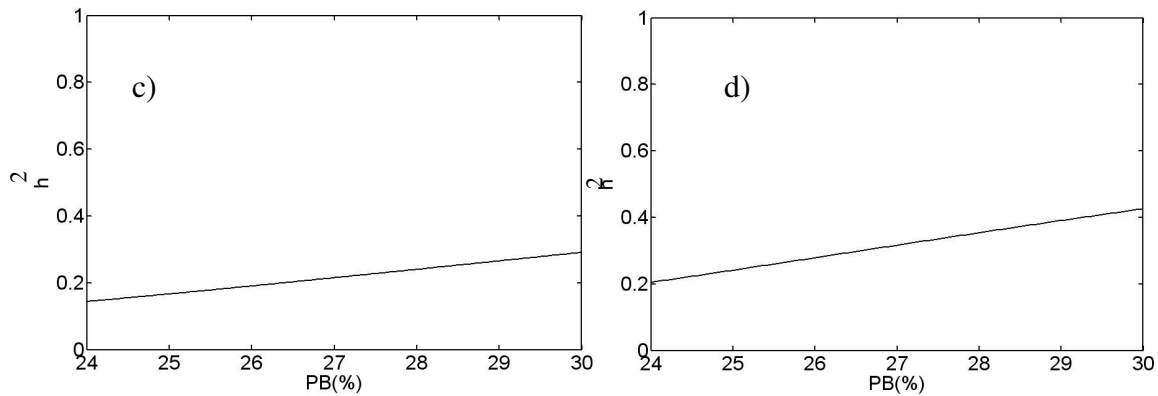


Figura 3. Herdabilidades diretas estimadas para pesos no 21º e 42º dias de idade para as linhagens EV1 e EV2, em função do nível proteico da dieta (a- EV1-21 dias; b- EV1- 42 dias; c- EV2- 21 dias; d- EV2-42 dias).

Em razão da homogeneidade de variância genética para diferentes níveis proteicos, a herdabilidade estimada para peso no 21º dia de idade na linhagem EV1 apresentou valores muito próximos nos diversos níveis proteicos da dieta que variaram de 24 a 30%. As herdabilidades estimadas para as demais combinações de idade e linhagem apresentaram forte variação e maior magnitude para maiores níveis de proteína bruta na dieta, indicando maior resposta à seleção em relação à variância fenotípica.

O comportamento das estruturas de covariância genética e, conseqüentemente, das herdabilidades estimadas para pesos na linhagem EV2 e no 42º dia de idade na linhagem EV1 indicam que valores genéticos aditivos diretos preditos para diferentes indivíduos apresentam diferentes sensibilidades à modificação do nível proteico da dieta. Para estas situações, avaliações genéticas realizadas em animais que se alimentam com determinado nível proteico na dieta podem produzir predições que não são válidas para outros níveis de proteína bruta da dieta. Dessa maneira, avaliações genéticas com base em informações de indivíduos alimentados com diferentes níveis proteicos seriam necessárias para a predição de valores genéticos de qualidade para diferentes ambientes.

De acordo com Su et al. (2006), modificações na ordem de classificação dos valores genéticos ocorrem quando o valor da correlação entre os coeficientes de regressão aleatória do intercepto e linear é distante da unidade. Os coeficientes de regressão aleatória do intercepto e linear estimados para a linhagem EV2 apresentaram alta correlação entre si, o que indica que, mesmo ocorrendo intensa heterogeneidade de variância, a ordem de classificação dos valores genéticos preditos se altera pouco em diferentes níveis proteicos da dieta. Dessa maneira, avaliações genéticas realizadas sob determinado nível proteico não permitiriam a predição de valores genéticos válidos para outros níveis proteicos, mas os animais de maior valor genético no ambiente de seleção apresentariam superioridade também em outros ambientes do intervalo considerado.

4- Referências bibliográficas

- AKBAS, Y.; TAKMA, Ç.; YAYLAK, E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal of Animal Science*, v.34, p104-109, 2004.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; FONTES, D.O. et al. Efeito de diferentes níveis de proteína e energia sobre o rendimento de carcaça de codornas europeias. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, p.266-271, 2005.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de metionina + cistina para codornas de corte em crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.58, p.414-420, 2006.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável em codornas de corte durante a fase de crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.488-494, 2007a.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.797-804, 2007b.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigências em proteína bruta para codornas de corte EV1 em crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.1278-1286, 2007c.
- CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Desempenho de codornas de corte EV1 alimentadas com diferentes níveis de lisina na dieta. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, p.1545-1553, 2007d.
- DIONELLO, N.J.L.; SILVA, M.A.; CORREA, G.S.S. Genetic evaluation of european quail by random regression analysis In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006.
- FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. Essex: Longman Scientific & Technical, 1989. 438p.
- FERREIRA, I.C.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Análise de custo de experimentos realizados com diferentes grupos genéticos de codornas de corte alimentadas com dietas com diferentes níveis de proteína bruta e energia metabolizável. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. *Anais...*, Campo Grande-MS: SBZ, 2004.
- FRIDRICH, A.B.; Valente, B.D.; SILVA, A.F. et al. Exigência de proteína bruta para codornas europeias no período de crescimento. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, p.261-265, 2005.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M.; Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*, v.124, p.979-993, 1990.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in nordic dairy cattle studied using reaction norms. *Acta Agriculture Scandinavia A-An.*, v.52, p.11-24, 2002.

MISZTAL, REMLF90 Manual: Disponível em: < <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> >. Acesso em: 13 set 2006.

SAATCI, M.; OMED, H.; AP DEWI, I. Genetic Parameters from Univariate and Bivariate Analyses of Egg and Weight Traits in Japanese Quail. *Poultry Science*, v.85, p.185-190, 2006.

SU, G.; MADSEN P.; LUND M. S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. *Journal of Animal Science*, v.84, p.1651-1657, 2006.

VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.S.; DIONELLO, N.L. et al. Interaction between methionine of diet and genotype in meat type quail. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte, 2006.

CONCLUSÕES GERAIS

Os resultados do primeiro experimento sugerem que a seleção do grupo genético EV1 poderia ser realizada após o 7º dia dentro do período de crescimento, e para o grupo genético EV2 a seleção poderia ser feita ao final do período de crescimento, porém com baixa resposta a seleção. Os resultados do segundo trabalho, em razão da interação genótipo x ambiente, à exceção da linhagem EV1 no 21º dia de idade, indicam que avaliações genéticas realizadas em animais alimentados com determinado nível proteico na dieta podem produzir predições que não são válidas para outros níveis de proteína bruta da dieta.

IMPLICAÇÕES

É relevante considerar que este trabalho abrange estudos iniciais em trajetórias genéticas de crescimento, estimação de parâmetros genéticos do peso de codornas dentro do período produtivo e verificação da existência de interação genótipo x níveis de proteína bruta para peso de codornas de corte por meio de modelos de regressão aleatória. Estudos futuros poderão considerar também a existência de variâncias residuais heterogêneas tanto na estimação da trajetória genética de crescimento quanto na avaliação da interação genótipo x ambiente sobre o peso de codornas, além de estender estes estudos à outras variáveis produtivas (ex. eficiência alimentar), reprodutivas (ex. taxa de postura, peso e tamanho dos ovos, etc.) além do estudo da sensibilidade de valores genéticos à variação dos níveis de aminoácidos da dieta, sob conceito de proteína ideal, entre outros, todos avaliados por meio de modelos de regressão aleatória.