

# PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO ANIMAL

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CODORNAS DE  
CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA**

DANIEL DANTAS PEREIRA

MONTES CLAROS

2023

**DANIEL DANTAS PEREIRA**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE EM CODORNAS DE CORTE  
CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Animal da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Produção Animal.

**Área de concentração:** Produção Animal

**Orientador:** Felipe Gomes da Silva

**Coorientadoras:** Fabiana Ferreira  
Cristina Maria Lima Sá-Fortes

MONTES CLAROS  
2023

Pereira, Daniel Dantas.

P436i  
2024            Interação genótipo x ambiente em codornas de corte criadas em diferentes níveis de treonina [manuscrito] / Daniel Dantas Pereira. Montes Claros, 2023.  
42 f.: il.

Dissertação (mestrado) - Área de concentração em Produção Animal. Universidade Federal de Minas Gerais / Instituto de Ciências Agrárias.

Orientador(a): Felipe Gomes da Silva

Banca examinadora: Gabriela Canabrava Gouveia, Luciano Pinheiro da Silva, Fabiana Ferreira, Cristina Maria Lima Sá Fortes, Felipe Gomes da Silva.

Inclui referências: f. 19-20; 31-32; 43-44.

1. Análise multivariada. 2. Análise de variância. 3. Codorna. I. Silva, Felipe Gomes da. II. Universidade Federal de Minas Gerais. Instituto de Ciências Agrárias. III. Título.

CDU: 575



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO ANIMAL

### ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Aos 13 dias do mês de dezembro de 2023 às 14:00 horas, sob a Presidência do Professor Felipe Gomes da Silva, D. Sc. (Orientador – UFMG/ICA) e com a participação dos Professores Fabiana Ferreira, D. Sc. (Coorientadora - UFMG/ICA), Cristina Maria Lima Sá Fortes, D. Sc. (Coorientadora - UFMG/ICA), Luciano Pinheiro da Silva, D. Sc. (Universidade Federal do Ceará) e Gabriela Canabrava Gouveia, D. Sc. (UFMG), reuniu-se, por videoconferência, a Banca de defesa de dissertação de **Daniel Dantas Pereira**, aluno do Curso de Mestrado em Produção Animal. O resultado da defesa de dissertação intitulada “**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA**”, sendo o aluno considerado aprovado. E, para constar, eu, Professor Felipe Gomes da Silva, Presidente da Banca, lavrei a presente Ata que depois de lida e aprovada, será assinada por mim e pelos demais membros da Banca examinadora. OBS.: O aluno somente receberá o título após cumprir as exigências do ARTIGO 53 do regulamento e da resolução 05/2016 do Curso de Mestrado em Produção Animal.

#### Montes Claros, 13 de dezembro de 2023.



Documento assinado eletronicamente por **Felipe Gomes da Silva, Professor do Magistério Superior**, em 14/12/2023, às 10:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 5º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Cristina Maria Lima Sa Fortes, Professora do Magistério Superior**, em 14/12/2023, às 15:24, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 5º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fabiana Ferreira, Professora do Magistério Superior**, em 15/12/2023, às 11:00, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 5º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Gabriela Canabrava Gouveia, Usuária Externa**, em 15/12/2023, às 15:45, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 5º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Luciano Pinheiro da Silva, Usuário Externo**, em 20/12/2023, às 17:45, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 5º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://sei.ufmg.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://sei.ufmg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **2901087** e o código CRC **764AFB1E**.



*"As melhores oportunidades de sua vida muitas vezes  
estão nos momentos mais assustadores."*

*(Autor desconhecido)*

## AGRADECIMENTOS

À minha amada mãe Ana, meu pai Milvar, minhas irmãs Judite e Cristiana e aos meus irmãos que, de várias formas, me apoiaram e torceram por essa conquista. Obrigado por todo amor incondicional.

Ao professor Felipe Gomes da Silva, por toda a inspiração, acolhimento e aprendizado ao longo de toda a jornada. Por me mostrar que às vezes a vida não é justa, mas que há diversos caminhos que podemos trilhar e assim alcançar nossos objetivos.

À professora Fabiana Ferreira, coorientadora e amiga, sou grato pelos ensinamentos ao longo de toda a graduação e também por mostrar que o caminho não precisa ser árduo ou doloroso, sempre mostrando as oportunidades que podemos agarrar.

À coorientadora professora Cristina Maria Lima Sá Fortes e ao professor Thiago Gomes dos Santos Braz que, direta e indiretamente, contribuíram para a realização desse trabalho.

Ao meu amigo João Vitor Santana Prates que durante todo o processo, me acompanhou em altas horas em laboratórios, com chuva ou sol, auxiliando sempre que necessário. Sem você a jornada poderia até acontecer, mas com certeza não seria tão fácil ou divertida como foi. Muito obrigado.

Aos meus amigos Sandro, Henrique e Jaqueline, por todo apoio ao longo desses anos, por acreditar, incentivar e torcer por minhas conquistas. Agradeço imensamente por estarem presentes em minha vida.

Ao Grupo de Estudos em Produção Avícola, o GEPavi, agradeço a todos os membros do grupo pelo apoio e suporte para que o tudo ocorresse como deveria acontecer.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) por possibilitar a conclusão deste trabalho.

## RESUMO

O objetivo foi avaliar a inclusão de efeitos fixos e classes de variância residual em modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos e avaliar se há interação genótipo e ambiente para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade (PC21 e PC35) de codornas de corte dos grupos genéticos ICA I e ICA II criadas em diferentes níveis de treonina (1,14; 1,24; 1,34; 1,44 e 1,54%). Foram desenvolvidos dois artigos a partir do experimento. No primeiro artigo, foi avaliado a inclusão dos efeitos fixos de sexo, incubação, interação entre sexo e incubação e peso ao nascimento por meio de análise de variância multivariada (MANOVA) utilizando o programa SAS. Também foram comparados cinco modelos considerando classes de variância residual de acordo o nível de treonina: homogêneo, com apenas uma classe (1,14-1,54%) e heterogêneos contendo duas classes (1,14-1,34% e 1,44-1,54%); três classes (1,14-1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%); quatro classes (1,14%, 1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%) e cinco classes (1,14%, 1,24%, 1,34%, 1,44% e 1,54%). Os modelos foram comparados pelo teste da razão de verossimilhança (TRV) e o ajuste dos modelos pelo Critério de Informação Bayesiana (BIC). Os efeitos de sexo, incubação e peso ao nascimento linear foram significativos e incluídos nos modelos. Não houve diferença significativas entre os modelos pelo TRV. O modelo homogêneo foi o que apresentou melhores ajustes para ambos os grupos genéticos e ambas características (PC21 e PC35) de acordo os valores de BIC. Modelos com homogeneidade de variância residual podem ser utilizados para estimação de componentes de variância em codornas de corte criadas em diferentes níveis de treonina. No segundo artigo, foi avaliado a interação genótipo x ambiente para PC21 e PC35 ao longo dos níveis de treonina. Coeficientes de regressão aleatória foram estimados considerando o efeito genético aditivo direto, homogeneidade de variância residual e ajuste por polinômio ordinário de ordem dois. Normas de reação foram criadas com os coeficientes de regressão e os componentes de variância foram estimados. Houve aumento e redução na dispersão dos valores genéticos estimados ao longo dos níveis de treonina. As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) aumentaram com o aumento dos níveis de treonina, exceto para PC35 em ICA I. Para PC21, a  $h^2$  no menor e no maior nível foi 0,35 e 0,54 para ICA I e 0,64 e 0,77 para ICA II. Para PC35, a  $h^2$  no menor e maior nível foi 0,64 e 0,49 para ICA I e 0,49 e 0,68 para ICA II. Não houve reclassificação dos valores genéticos, portanto, a predição dos valores pode ser feita em qualquer um dos níveis testados sem prejudicar o progresso genético.

Palavras-chave: Análise Multivariada. Efeitos fixos. Heterogeneidade de Variância. Herdabilidade. Normas de Reação.

## ABSTRACT

We aimed to evaluate the inclusion of fixed effects and residual variance classes in random regression models for estimating genetic parameters and to assess the presence of genotype-environment interaction for body weight at 21 and 35 days of age (BW21 and BW35) in meat-type quails of the ICA I and ICA II genetic groups raised at different threonine levels (1.14, 1.24, 1.34, 1.44, and 1.54%). Two articles were developed from the experiment. In the first article, the inclusion of fixed effects such as sex, incubation, interaction between sex and incubation, and birth weight was evaluated through multivariate analysis of variance (MANOVA) using the SAS program. Five models considering residual variance classes according to threonine level were compared: homogeneous with only one class (1.14-1.54%) and heterogeneous containing two classes (1.14-1.34% and 1.44-1.54%); three classes (1.14-1.24%, 1.34%, and 1.44-1.54%); four classes (1.14%, 1.24%, 1.34%, and 1.44-1.54%); and five classes (1.14%, 1.24%, 1.34%, 1.44%, and 1.54%). Models were compared using the likelihood ratio test (LRT), and model fit was assessed by Bayesian Information Criterion (BIC). Sex, incubation, and linear birth weight effects were significant and included in the models. There were no significant differences between the models by LRT. For BIC values, the best fit for both genetic groups for both traits (BW21 and BW35) was obtained with the homogeneous model. The fixed effects in random regression models should be evaluated, and models with homogeneous residual variance may be used for variance component estimation. In the second article, the presence of sensitive genes and genotype-environment interaction for BW21 and BW35 across threonine levels was assessed. Random regression coefficients were estimated considering direct additive genetic effects, homogeneity of residual variance, and adjustment by second-order ordinary polynomial. Reaction norms were created with the regression coefficients, and variance components were estimated. There was an increase and a decrease in the dispersion of estimated genetic values across threonine levels. Heritability estimates ( $h^2$ ) increased with increasing threonine levels, except for BW35 in ICA I. For BW21,  $h^2$  at the lowest and highest levels was 0.35 and 0.54 for ICA I and 0.64 and 0.77 for ICA II. For BW35,  $h^2$  at the lowest and highest levels was 0.64 and 0.49 for ICA I and 0.49 and 0.68 for ICA II. There was no reclassification of genetic values, indicating that value prediction can be made at any of the tested levels.

Keywords: Multivariate Analysis. Fixed Effects. Heterogeneity of Variance. Heritability. Reaction Norms.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL .....	11
2. OBJETIVOS.....	12
2.1. Objetivo Geral.....	12
2.2. Objetivos Específicos .....	12
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	12
3.1. Interação Genótipo x Ambiente (GxE).....	12
3.2. Modelos de Norma de Reação.....	13
3.3. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual .....	14
3.4. Interação Genótipo x Nível de Treonina em Codornas de Corte .....	15
REFERÊNCIAS .....	17
4. ARTIGO 1 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA PARÂMETROS GENÉTICOS EM CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA .....	19
INTRODUÇÃO.....	21
METODOLOGIA.....	22
RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	24
CONCLUSÃO .....	29
REFERÊNCIAS .....	29
5. ARTIGO 2 - SENSIBILIDADE DOS VALORES GENÉTICOS DE CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA.....	31
INTRODUÇÃO.....	33
MATERIAL E MÉTODOS .....	34
RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	36
CONCLUSÃO .....	40
REFERÊNCIAS .....	40

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A avaliação genética é muito importante para caracterizar populações sob seleção em programas de melhoramento animal e busca entender como as características de interesse produtivo podem ser influenciadas em maior ou menor proporção por fatores herdáveis. No entanto, os valores genéticos estimados para diferentes características de interesse, e que nos permitem ranquear os animais em relação ao potencial em transmitir regiões que afetem favoravelmente esses fenótipos à progênie, podem se alterar em função do ambiente em que os animais são avaliados. A esse efeito do ambiente sobre os valores genéticos estimados damos o nome de interação genótipo x ambiente.

Os genótipos com sensibilidade ambiental se adaptam ao ambiente e resultam nas diferenças observadas no fenótipo, conhecido como plasticidade fenotípica. O ambiente pode ser caracterizado como qualquer efeito não genético, tais como clima, temperatura, alimentação, dentre outros fatores e podem, em alguns casos, levar a mudanças genéticas indesejáveis, uma vez que a escolha dos melhores indivíduos em um sistema de produção pode não ser o mais adequado para outro.

O uso de normas de reação é comumente utilizado para avaliar a interação genótipo x gradientes nutricionais em estudos de produção animal. As normas de reação podem ser construídas a partir de coeficientes de regressão aleatória, no qual se estimam coeficientes de regressão para cada animal através de informações de seus parentes criados em diferentes níveis nutricionais. Dessa forma, é possível estimar o valor genético de cada indivíduo em qualquer nível dentre os testados (RODRIGUES *et al.*, 2018; TARÔCO *et al.*, 2019; VELOSO *et al.*, 2015).

Com as normas de reação, é possível analisar o comportamento dos valores genéticos ao longo dos níveis e detectar a presença de interação genótipo e ambiente pela alteração da ordem de classificação dos animais em relação aos valores genéticos, bem como pelo aumento ou redução na dispersão desses valores. Isso permite avaliar se é mais vantajoso em termos de ganhos genéticos e financeiros selecioná-los em ambientes específicos.

Para isso, é fundamental adotar um modelo de regressão aleatória que seja apropriado para explicar as variações observadas. A escolha de efeitos fixos a serem incluídas no modelo pode influenciar a precisão das estimativas, sendo necessário avaliar criteriosamente quais efeitos fixos deverão ser incorporados no modelo. Além disso, a

modelagem da variância residual é importante na decomposição da variação em componentes de variâncias, e, portanto, deve ser analisada com cuidado.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo Geral**

Avaliar se há efeito de interação genótipo x níveis de treonina da dieta sobre o peso corporal de codornas aos 21 e 35 dias de idade.

### **2.2. Objetivos Específicos**

- Testar a influência de efeitos fixos sobre peso corporal de codornas de corte aos 21 e 35 dias de idade;
- Testar o ajuste na modelagem da variância residual em modelos de regressão aleatória de codornas de corte alimentadas com diferentes níveis de treonina;
- Estudar a interação genótipo x níveis de treonina em dois grupos genéticos de codornas por meio de normas de reação;
- Avaliar a influência dos níveis de treonina nas estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade do peso corporal aos 21 e 35 dias de vida.

## **3. REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.1. Interação Genótipo x Ambiente (GxE)**

A avaliação genética desempenha papel fundamental no melhoramento animal, permitindo a caracterização de populações sob seleção. Entretanto, é importante destacar que os animais selecionados em um ambiente específico podem não ser os de melhor desempenho em outro ambiente, o que caracteriza a interação genótipo x ambiente (GxE) (FARIA *et al.*, 2017; MIRANDA *et al.*, 2016; GOUVEIA *et al.*, 2019).

Quando o impacto da GxE sobre a manifestação do fenótipo é muito grande, diz-se, inclusive, que uma mesma característica avaliada em ambientes distintos, deve ser tratada como como fenótipos distintos sob a perspectiva de avaliação genética. Assim, o fenótipo observado é devido ao genótipo, ambiente e a interação entre eles ( $F = G + E + GxE$ ).

A presença da GxE pode resultar no reordenamento dos animais em relação aos valores genéticos estimados, o que pode prejudicar a eficiência da seleção. Assim, os animais podem ser desejáveis para seleção em um ambiente específico, mas indesejáveis se seus filhos forem criados em outro ambiente. Nesse cenário, os programas de melhoramento podem ter prejuízos à longo prazo, pois em caso de mudança de ambiente, a seleção passa a ser em uma característica considerada distinta (FARIA *et al.*, 2017; GOUVEIA *et al.*, 2019).

Todavia, mesmo que a GxE não resulte no rearranjo dos valores genéticos preditos, pode haver variação na dispersão dos valores genéticos com implicações diretas na variação genética herdável. Características que possuem correlação genética e herdabilidades altas entre ambientes possibilitam a escolha do ambiente no qual o custo de produção seja mais baixo ou o ganho seja mais alto (ALCÂNTARA *et al.*, 2019; TARÔCO *et al.*, 2019).

Nesse contexto, a avaliação de GxE em fenótipos de maior importância produtiva e econômica deve ser levada em consideração para verificar a influência do ambiente sobre as características e do progresso genético ao longo das gerações. Dessa forma, programas de melhoramento genético podem aumentar a eficiência de seleção ou reduzir seus custos (NUNES *et al.*, 2018; RODRIGUES *et al.*, 2018).

### **3.2. Modelos de Norma de Reação**

Modelos de norma de reação são comumente utilizados para avaliar a existência de interação GxE. As normas de reação são representações gráficas que ilustram como o fenótipo de uma característica se adapta às diferentes condições ambientais para assim otimizar as respostas à seleção animal (RODRIGUES *et al.*, 2018; TARÔCO *et al.*, 2019; VELOSO *et al.*, 2015).

Os modelos de normas de reação permitem estimar a sensibilidade ambiental dos animais e diferenciar os indivíduos de genótipo mais robusto daqueles com maior plasticidade. Genótipos mais robustos apresentam valores genéticos preditos semelhantes em diferentes ambientes, enquanto aqueles com maior plasticidade apresentam valores genéticos preditos distintos (MIRANDA *et al.*, 2016; MOTA *et al.*, 2015).

Os coeficientes utilizados nos modelos de norma de reação são estimados por regressão aleatória. Enquanto em análises de regressão convencionais são estimados coeficientes médios associados à toda população, na regressão aleatória são estimados

coeficientes de regressão para cada indivíduo ao longo do gradiente (MOTA *et al.*, 2015; NUNES *et al.*, 2018)

Dado que não é possível medir uma característica em diferentes ambientes no mesmo animal, são, portanto, associadas as características do animal e de seus parentes (GOUVEIA *et al.*, 2019). Dessa forma, é possível estimar os valores genéticos de cada animal ao longo de um gradiente ambiental.

### 3.3. Homogeneidade e heterogeneidade de variância residual

No modelo de regressão aleatória, as variâncias fenotípicas podem ser decompostas em variância residual e variância genética aditiva para cada ambiente. Isto permite a estimação de correlação genética entre as características e a variância genética aditiva e herdabilidade ( $h^2$ ) da característica ao longo de um gradiente com ajuste para efeitos fixos e aleatórios.

Para isso, a modelagem da variância residual desempenha papel importante nos modelos de regressão aleatória utilizados para construir norma de reação e estimar parâmetros genéticos. A variância residual refere-se à dispersão que não é explicada pelos preditores em um modelo de regressão (FARIA *et al.*, 2017).

A heterogeneidade de variância residual contribui para decomposição mais precisa da variância total em componentes genéticos. No entanto, pode aumentar a complexidade do modelo ao sugerir que a relação entre as variâncias residuais não é constante em diferentes ambientes, o que dificulta a generalização dos resultados (TEIXEIRA *et al.*, 2012).

Por outro lado, modelos que assumem homogeneidade de variância residual simplificam a interpretação dos resultados, uma vez que a variância residual é constante ao longo do gradiente ambiental. Contudo, esses modelos podem ser inadequados para análise e interpretação dos resultados quando a heterogeneidade está presente (FARIA *et al.*, 2017; RODRIGUES *et al.*, 2018).

Para características longitudinais, modelos com variância residual heterogênea podem se ajustar melhor, visto que a variância residual pode tender a não ser constante ao longo do tempo (BONAFÉ *et al.*, 2011; TEIXEIRA *et al.*, 2012). Por outro lado, para estudos com níveis de nutrientes, alguns pesquisadores optam pela homogeneidade, assumindo que a variância residual não varia com diferentes níveis (ALCÂNTARA *et al.*, 2019; MOTA *et al.*, 2015; TARÔCO *et al.*, 2019; VELOSO *et al.*, 2015).

Entretanto, estudos com os aminoácidos metionina + cistina, triptofano e treonina indicam que modelagem de classes de heterogeneidade de variância residual são mais adequadas. Modelos com homogeneidade de variância residual geralmente são associados a menor grau de ajuste e modelos com duas classes prenominaam quanto ao melhor ajuste para a maioria das características (FARIA *et al.*, 2017; GOUVEIA *et al.*, 2019; MIRANDA *et al.*, 2016; RODRIGUES *et al.*, 2018).

O teste de razão de verossimilhança (TRV) é muito utilizado para comparar dois modelos com diferentes modelagens de variância residual e verificar se há diferenças entre eles. Assim é possível verificar se um modelo menos parametrizado explica os mesmos resultados que um modelo mais completo, nesse caso, o modelo mais simples poderia escolhido sem mudar a explicação (BONAFÉ *et al.*, 2011).

Para verificar o ajuste de um modelo de regressão aleatória, o critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano e de Schwarz (BIC) são comuns. Esses critérios visam escolher o modelo mais adequado para descrever as medidas em diferentes contextos, buscando o equilíbrio entre a complexidade do modelo e sua capacidade de explicar a variação observada. Modelos com valores menores de AIC ou BIC são preferíveis, indicando melhor ajuste dos dados (KHADIGA *et al.*, 2017; RODRIGUES *et al.*, 2018).

### **3.4. Interação Genótipo x Nível de Treonina em Codornas de Corte**

Codornas destinadas para produção de carne ou para produção de ovos exibem características produtivas distintas, incluindo diferenças na taxa de postura, taxa de crescimento, ganho de peso, rendimento de carcaça e precocidade. Em virtude da busca por maior eficiência na produção de carne ou de ovos, a seleção genética para cada aptidão produtiva tornou-se mais relevante na coturnicultura.

A produção de codornas de corte apresenta algumas vantagens em relação às produções de outras carnes, isso inclui o ciclo rápido com abate aos 35 dias de idade e o menor espaço necessário para a produção. Isso resulta em investimentos iniciais mais baixos e retornos financeiros mais rápidos (VELOSO *et al.*, 2015).

No entanto, compreender os fatores que contribuem para aprimorar as práticas de seleção no contexto do progresso genético é fundamental. O ambiente no qual os animais são criados exerce influência direta no fenótipo de característica de interesse econômico na produção de codornas de corte (CASTRO *et al.*, 2020).

Mudanças no ambiente nutricional podem provocar adaptações no genótipo. Como as exigências nutricionais estão sujeitas a atualizações constantes, essas atualizações têm impulsionado a busca por aprimorar as estratégias de seleção genética em codornas de corte, com o objetivo de alcançar respostas mais eficazes à seleção (BITTENCOURT *et al.*, 2021; MOTA *et al.*, 2015).

Uma das mudanças significativas na produção de aves é a transição das exigências com base somente na quantidade de proteína bruta para as exigências de aminoácidos. Essa mudança, conhecida como conceito de proteína ideal, busca atender as exigências aminoacídicas na quantidade exata requerida pelos animais (FARIA *et al.*, 2017; GOUVEIA *et al.*, 2019).

Ao atender as exigências de aminoácidos, é possível reduzir o teor de proteína bruta na dieta, os custos da ração e a excreção de nitrogênio ao ambiente. Na produção de codornas de corte, que possui altas exigências em proteína, aplicar o conceito de proteína ideal se torna interessante por proporcionar vantagens financeiras e ambientais (BITTENCOURT *et al.*, 2021).

Entre os aminoácidos essenciais, a treonina se destaca como o terceiro aminoácido limitante para o crescimento das aves em dietas formuladas com base em milho e farelo de soja. A treonina participa na formação e renovação proteica, na síntese de colágeno e de elastina, sendo essencial para o crescimento, desenvolvimento e reparo do organismo (BITTENCOURT *et al.*, 2021).

A treonina também é essencial na manutenção do sistema imunológico intestinal, atuando como precursora da mucina que atua como barreira física protetora contra microrganismos patogênicos (TANG *et al.*, 2021). Dada sua importância, a avaliação da interação entre o genótipo e níveis de treonina é necessária.

Para diferentes níveis de treonina, Faria *et al.* (2017) observaram alteração na classificação dos valores genéticos de codornas de corte, logo, animais criados em um nível podem não apresentar os melhores desempenhos em outro nível. Além disso, os autores observaram mudança na dispersão dos valores genéticos e diferentes estimativas de parâmetros genéticos com o aumento no nível de treonina.

Para diferentes níveis de treonina, Tarôco *et al.* (2019) avaliaram a GxE para peso corporal de codornas aos 21 dias e não observaram alteração na classificação dos animais, com correlações genéticas acima de 0,80. Entretanto, os autores verificaram a GxE com a mudança na dispersão dos valores genéticos e nos parâmetros genéticos.

O desempenho das codornas de corte pode variar em resposta a diferentes níveis de aminoácidos. Dessa forma, estudos de GxE em programas de melhoramento é importante para maior precisão de estimativas de valores genéticos de animais criados em diferentes níveis de treonina para maximizar o progresso genético.

## REFERÊNCIAS

ALCÂNTARA, D. C.; BONAFÉ, C. M.; VERARDO, L. L.; MOTA, L. F. M.; RODRIGUES, R. F. M.; CAMPIDELLI, T. S.; COSTA, L. S.; LEITE, N. R.; LITIERE, T. O.; SILVA, R. B.; PIINHEIRO, S. R. F.; SOUSA, M. F. Evidence of nutriente by genotype interaction in meat quail strains through reaction norm models. **Livestock Science**, v. 228, n. 1, p. 42-48, jul. 2019.

BITTENCOURT, T. M.; VALENTIM, J. K.; ARAÚJO, G. G. A.; RODRIGUES, R. F. M.; FERREIRA, A. L.; LIMA, H. J. D. Proteínas no contexto atual da nutrição de não ruminantes. **Revista Brasileira de Nutrição Animal**, v.15, n. 2, p. 1-15, jul.-dez. 2021.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, A.; TEIXEIRA, R. B.; SILVA, F. G.; SOUSA, M. F.; LEITE, C. D. S.; SILVA, L. P.; CAETANO, G. C. Heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória na descrição do crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 10, p. 2129-2134, 2011.

BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. Multimodel Inference. **Sociological Methods & Research**, v. 33, n. 2, p. 261-304, Nov. 2004.

CASTRO, M. R.; PINHEIRO, S. R. F.; DALÓLIO, F. S.; LIMA, H. J. D.; ABREU, L. R. A.; OLIVEIRA, R. G.; MOTA, L. F. M.; CARVALHO, D. C. O. Estimates for digestible threonine:lysine for 21-35-day-old female meat-type quails. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 21, n. 1, p. 1-13, set. 2020.

FARIA, G. Q.; BONAFÉ, K. A. R.; SILVA, M. A.; COSTA, L. S.; LIMA, H. J. D.; CAMPOS, F. G.; SILVA, R. B.; SILVA, A. A.; TARÔCO, G.; ROCHA, G. M. F.; MIRANDA, J. A. Estimacão de valores genéticos para codornas europeias em função dos níveis da relação treonina:lisina da dieta: do nascimento aos 21 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 69, n. 1, p. 214-224, 2017.

GOUVEIA, G. C.; FERREIRA, F.; ABREU, L. R. A.; RIBEIRO, V. M. P.; ROCHA, B. M. M.; TORAL, F. L. B.; SILVA, M. A. Reaction norm models for the study of genotype x methionine + cystine level interaction in meat-type quail. **Livestock Science**, v. 229, n. 1, p. 53-63, set, 2019.

KHADIGA, G. A.; MAHMOUD, B. Y. F.; FARAHAT, G. S.; EMAM, A. M. EL-FULL, E. A. Genetic analysis of partial egg production records in Japanese quail using random regression models. **Poultry Science**, v. 96, n. 8, p. 2569-2575, Aug. 2017.

MIRANDA, J. A.; PIRES, A. V.; ABREU, L. R. A.; MOTA, L. F. M.; SILVA, M. A.; BONAFÉ, C. M.; LIMA, H. J. D.; MARTINS, P. G. M. A. Sensitivity of breeding values for carcass traits of meat-type quail to changes in dietary (methionine +

cystine):lysine ratio using reaction norm models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 133, n. 6, p. 463-475, 2016.

MOTA, L. F. M.; ABREU, L. R. A.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. D.; BONAFÉ, C. M.; COSTA, L. S.; SOUZA, K. A. R.; MARTINS, P. G. M. A. Genotype x dietary (methionine+cystine):lysine interaction for body weight of meat-type quails using reaction norm models. **Livestock Science**, v. 182, p. 137-144, nov. 2015.

NUNES, D.; ASSIS, J. R.; TAVARES, S. G.; OLIVEIRA, P. H. L. Modelos de norma de reação para análise de efeitos de interação genótipo x ambiente. **Scientific Electronic Archives**, v. 11, n. 4, p. 122-128, ago. 2018.

RODRIGUES, R. F. M.; SOURA, M. F.; CRUZ, V. A. R.; CAMPIDELI, T. S.; COSTA, L. S.; PINHEIRO, S. R. F.; VERARDO, L. L.; BONAFÉ, C. M. Sensitivity of breeding values of meat quails as a result of tryptophan:lysine ratios in the diet. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 19, n. 4, p. 403-414, out./dez., 2018.

TANG, Q.; TAN, P.; MA, N.; MA, X. Physiological functions of threonine in animals: beyond nutrition metabolism. **Nutrients**, v. 13, n. 8, p. 2592-2605, Jul. 2021.

TARÔCO, G.; GAYA, L. G.; MOTA, L. F. M.; SOUZA, K. A. R.; LIMA, H. J. D.; SILVA, M. A. Heritability and genotype-environment interactions for growth curve parameters in meat-type quail fed different threonine:lysine rations from hatching to 21 d of age. **Poultry Science**, v. 98, n. 1, p. 69-73, Jan. 2019.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; TEIXEIRA, R. B.; SILVA, L. P.; TORRES, R. A.; LEHNER, H. G.; CAETANO, G. C.; CRISPIM, A. C. Modelos de regressão aleatória para avaliação da curva de crescimento em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**, v. 42, n. 9, p. 1641-1647, set, 2012.

VELOSO, R. C.; ABREU, L. R. A.; MOTA, L. F. M.; CASTRO, M. R.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. A.; BOARI, C. A. Modelos de norma de reação para estudo das características de qualidade de carne de codornas de corte em função das razões (metionina + cistina):lisina da dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 67, n. 5, p. 1438-1448, out. 2015.

**4. ARTIGO 1 - MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA PARÂMETROS GENÉTICOS EM CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA**

(Artigo escrito de acordo com as normas da **Revista Desafios – Revista Interdisciplinar da Universidade Federal do Tocantins**

(ISSN - 2359-3652)

# MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA PARÂMETROS GENÉTICOS EM CODORNAS DE CORTE CRIADAS COM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA

*RANDOM REGRESSION MODELS ON GENETIC PARAMETERS OF MEAT-TYPE QUAILS RAISED WITH DIFFERENT THREONINE LEVELS*

*MODELOS DE REGRESIÓN ALEATORIA SOBRE PARÁMETROS GENÉTICOS DE CODORNICES DE CARNE CRIADAS CON DIFERENTES NIVELES DE TREONINA*

## RESUMO

O objetivo foi avaliar a inclusão de efeitos fixos e classes de variância residual em modelos de regressão aleatória para estimativas de parâmetros genéticos de peso corporal aos 21 e 35 dias de idade em codornas de corte ICA I e ICA II criadas com cinco níveis de treonina (1,14; 1,24; 1,34; 1,44 e 1,54%). Foram utilizados 1.844 registros de peso corporal de três incubações com um pedigree composto por 5.407 animais de cinco gerações. Os efeitos de sexo, incubação, interação sexo e incubação, e peso ao nascimento foram testados por análise de variância multivariada. Foram comparados cinco modelos considerando classes de variância residual de acordo com os níveis de treonina: homogêneo, com apenas uma classe (1,14-1,54%) e heterogêneos contendo duas classes (1,14-1,34% e 1,44-1,54%); três classes (1,14-1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%); quatro classes (1,14%, 1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%) e cinco classes (1,14%, 1,24%, 1,34%, 1,44% e 1,54%). Os efeitos de sexo, incubação e peso ao nascimento linear foram significativos. Não foi observada diferença significativa do Log(L) entre nenhum dos modelos pelo teste da razão de verossimilhança (TRV). O modelo homogêneo foi o que obteve melhor ajuste para ICA I e ICA II de acordo com o Critério de Informação Bayesiana (BIC).

**Palavras-chave:** análise multivariada; efeitos fixos; heterogeneidade de variância.

## ABSTRACT

*We aimed to evaluate the inclusion of fixed effects and residual variance classes in random regression models in the estimation of genetic parameters for ICA I and ICA II meat-type quails at 21 and 35 days of age raised with five levels of threonine (1.14, 1.24, 1.34, 1.44, and 1.54%). We used 1,844 body weight records from three hatches and a pedigree comprising 5,407 animals from five generations. The effects of sex, hatch, sex by hatch interaction, and birth weight were tested using a multivariate analysis of variance. We compared five models considering residual variance classes according to threonine levels: homogeneous, with a single class (1.14-1.54%), and heterogeneous models with two classes (1.14-1.34% and 1.44-1.54%), three classes (1.14-1.24%, 1.34%, and 1.44-1.54%), four classes (1.14%, 1.24%, 1.34%, and 1.44-1.54%), and five classes (1.14%, 1.24%, 1.34%, 1.44%, and 1.54%). The effects*

*of sex, hatch, and linear birth weight were significant. There was no significant difference in Log(L) among any of the models according to the likelihood ratio test (LRT). The homogeneous model provided the best fit for ICA I and ICA II according to the Bayesian Information Criterion (BIC).*

**Keywords:** *fixed effects; multivariate analysis; variance heterogeneity.*

### **RESUMEN**

*El objetivo fue evaluar la inclusión de efectos fijos y clases de varianza residual en modelos de regresión aleatoria en la estimación de parámetros genéticos para codornices de carne ICA I e ICA II a los 21 y 35 días de edad criadas con cinco niveles de treonina (1,14, 1,24, 1,34, 1,44 y 1,54%). Utilizamos 1.844 registros de peso corporal de tres incubaciones y un pedigrí que comprende 5.407 animales de cinco generaciones. Los efectos de sexo, incubación, interacción de sexo e incubación, y peso al nacer se evaluaron mediante un análisis de varianza multivariado. Comparamos cinco modelos considerando clases de varianza residual de acuerdo con los niveles de treonina: homogéneo, con una sola clase (1,14-1,54%), y modelos heterogéneos con dos clases (1,14-1,34% y 1,44-1,54%), tres clases (1,14-1,24%, 1,34% y 1,44-1,54%), cuatro clases (1,14%, 1,24%, 1,34% y 1,44-1,54%), y cinco clases (1,14%, 1,24%, 1,34%, 1,44% y 1,54%). Los efectos de sexo, incubación y peso al nacer lineal fueron significativos. No se observaron diferencias significativas en el Log(L) entre ninguno de los modelos según la prueba de razón de verosimilitud (TRV). El modelo homogéneo proporcionó el mejor ajuste para ICA I e ICA II según el Criterio de Información Bayesiana (BIC).*

**Palabras clave:** *análisis multivariable; efectos fijos; heterogeneidad de la varianza;*

### **INTRODUÇÃO**

Os modelos de regressão aleatória são frequentemente empregados nas estimativas de valores genéticos de indivíduos criados em diferentes ambientes quando há níveis contínuos desse fator. Além disso, os coeficientes derivados desses modelos são essenciais na construção de normas de reação, que descrevem a variação dos valores genéticos ao longo dos ambientes e permitem a identificação de interação genótipo x ambiente (ALCÂNTARA *et al.*, 2019; MIRANDA *et al.*, 2016).

Para obter estimativas acuradas dos componentes de variância, é necessário corrigir simultaneamente no modelo os efeitos fixos que possam influenciar as variáveis respostas. Efeitos que existem e não são corrigidos inflacionam a parte aleatória do modelo, enquanto efeitos que não existem, mas são incluídos, podem aumentar o número de classes e reduzir as repetições dentro das combinações delas, o que pode piorar as estimativas da parte fixa, capturando efeitos que deveriam ser atribuídos à parte aleatória.

Além dos efeitos fixos, a presença de heterogeneidade ou homogeneidade na variância residual pode ter impacto significativo na acurácia das estimativas dos componentes de covariância. A heterogeneidade, embora possa contribuir para decomposição mais correta da variância total em componentes genéticos, pode aumentar a complexidade do modelo e dificultar a convergência no processo de estimação. Entretanto, deve ser considerada que a relação entre as variâncias não é consistente em diferentes ambientes, o que dificulta a generalização dos resultados (GOUVEIA *et al.*, 2019; TARÔCO *et al.*, 2019).

Por outro lado, modelos que assumem homogeneidade na variância residual simplificam a interpretação e aumentam a compreensão dos resultados, já que a variância residual é presumidamente constante em todos os ambientes. No entanto, esses modelos podem ser inadequados quando a heterogeneidade está presente, introduzindo dificuldades na análise e interpretação dos resultados (MOTA *et al.*, 2015; VELOSO *et al.*, 2015).

O objetivo foi testar efeitos fixos e comparar diferentes classes de variância residual em modelos de regressão aleatória nas estimativas de parâmetros genéticos para pesos de codornas de corte criadas em diferentes níveis de treonina.

## **METODOLOGIA**

Os dados são provenientes de pesquisa executada em Montes Claros, Minas Gerais, localizado nas coordenadas 16°40'41.8"S e 43°50'30.9"W. O experimento foi aprovado pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da UFMG (CEUA-UFMG), sob o protocolo n. 122/2022.

As codornas foram criadas com dietas contendo cinco níveis de treonina (1,14; 1,24; 1,34, 1,44 e 1,54%), sendo a dieta basal a base de milho e farelo de soja com 26,86% de proteína bruta e 2.900 kcal/kg de energia metabolizável com as composições nutricionais dos alimentos com base nas informações apresentadas por Rostagno *et al.* (2017). Para atender as exigências nutricionais das codornas, foram utilizadas informações do National Research Council – NRC (1994) exceto para exigência de lisina e metionina+cistina conforme recomendado por VIDAL *et al.* (2015), e treonina (objeto deste estudo).

Foi utilizado um conjunto de dados composto por 1.844 registros de peso e o pedigree composto por 5.475 animais de cinco gerações dos grupos genéticos ICA I e ICA II. Os dados incluíram peso ao nascimento, peso na fase inicial (21 dias) e peso final (35 dias) de três incubações distintas. Para as análises de efeito fixo e de comparação dos modelos, codornas que não possuíam informação de sexo foram retiradas do conjunto de dados.

Os efeitos fixos de sexo, incubação, interação sexo e incubação, e peso ao nascimento linear e quadrático foram testados com análise de variância multivariada no *Statistical Analysis System* (SAS<sup>®</sup>, 2021) para os pesos aos 21 e 35 dias em cada grupo genético. Os efeitos linear e quadrático do nível de treonina foi adicionado ao modelo. Para verificar a significância dos efeitos fixos ( $P < 0,05$ ), foram utilizados os testes estatísticos Lambda de Wilks, Traço de Pillai, Traço de Hotelling-Lawley e Maior Raiz de Roy. O modelo utilizado foi:

$$y_{ijk} = \mu + S_i + O_j + SO_{ij} + \alpha_1(T_k - \bar{T}) + \alpha_2(T_k - \bar{T})^2 + \beta_1(P_k - \bar{P}) + \beta_2(P_k - \bar{P})^2 + e_{ijk}$$

Em que  $y_{ijk}$  é o valor observado para o animal  $k$  com sexo  $i$  e nascido na incubação  $j$ ;  $\mu$  é a média da característica analisada;  $S_i$  é o efeito fixo do sexo  $i$ ;  $O_j$  é o efeito fixo de incubação  $j$ ;  $SO_{ij}$  é o efeito da interação sexo  $i$  e incubação  $j$ ;  $\alpha_1$  e  $\alpha_2$  são os efeitos linear e quadrático do nível de treonina  $T$  do animal  $k$  com média  $\bar{T}$ ;  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são os efeitos linear e quadrático do peso ao nascimento  $P$  da observação  $k$  com média do peso ao nascimento  $\bar{P}$ ;  $e_{ijk}$  é o resíduo.

Para testar a hipótese de heterogeneidade de variância residual, foram utilizados cinco modelos de regressão aleatória para as características peso corporal aos 21 (PC21) e peso corporal aos 35 dias de idade (PC35). No primeiro modelo (H1) foi admitida homogeneidade de variância residual para os níveis de treonina com uma classe (1,14-1,54% de treonina), para os demais modelos, foram consideradas classes de heterogeneidade de variância residual, sendo o modelo H2 o que considerou duas classes (1,14-1,34% e 1,24-1,54%), o modelo H3, três classes (1,14-1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%), o modelo H4, quatro classes (1,14%, 1,24%, 1,34% e 1,44-1,54%) e o modelo H5, cinco classes (1,14%, 1,24%, 1,34%, 1,44% e 1,54%).

Para testar os modelos, foram realizadas análises de regressão aleatória sob modelo animal, com os efeitos fixos que foram significativos pela análise de variância multivariada e o efeito genético aditivo direto como efeito aleatório. As análises de regressão aleatória foram realizadas com estimativa por máxima verossimilhança restrita (REML) com auxílio do *software* WOMBAT (MEYER, 2007).

A representação da generalização dos modelos nas diferentes classes de variâncias residuais pode ser feita pelo modelo:

$$y_{ij} = \sum_{k=0}^1 \beta_k x_k(j) + \sum_{k=0}^1 \alpha_{ik} x_k(i) + F + e_{ij}$$

Em que  $y_{ij}$  representa o peso corporal da codorna  $i$ , alimentada com nível de treonina  $j$ ;  $F$  é o conjunto de efeitos (sexo, incubação e peso ao nascimento),  $\beta_k$  é o coeficiente de regressão fixo  $k$  do nível de treonina sobre o polinômio ordinário de ordem dois;  $x_k(j)$  é o polinômio natural  $k$  atribuído ao nível de treonina  $j$ ;  $\alpha_{ik}$  é o coeficiente de regressão genético aditivo direto para codorna  $i$ ,  $e_{ij}$  é o efeito aleatório residual do animal associado à  $y_{ij}$ .

Inicialmente, o teste da razão de verossimilhança (TRV) foi utilizado para comparar se houve diferença significativa entre os modelos, comparado com qui-quadrado tabelado à 1% de probabilidade e com graus de liberdade sendo a diferença entre o número de parâmetros dos respectivos modelos contrastados.

Para verificar o ajuste dos modelos, foram utilizados o logaritmo natural da estimativa de máxima de verossimilhança  $\ln(L)$  pelo critério de informação Bayesiana (BIC), o qual adiciona valores nas estimativas na medida em que o modelo é penalizado, dessa forma, o menor valor indica o modelo com melhor ajuste. Para estimativas dos valores, foram utilizadas as equações I e II:

$$TRV = 2\ln(L_1) - 2\ln(L_2) \quad (I)$$

$$BIC = -2\ln(L) + \ln(n)k \quad (II)$$

Em que  $k$  é o número de parâmetros no modelo;  $n$  é o número de observações e  $L$  é a estimativa de máxima verossimilhança do modelo.  $L_1$  é a estimativa de máxima verossimilhança para o modelo mais parametrizado e  $L_2$  representa a estimativa de máxima verossimilhança para o modelo menos parametrizado.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para os quatro testes estatísticos da análise de variância multivariada, os efeitos de sexo, incubação e peso ao nascimento linear foram significativos ( $P < 0,05$ ) em ambos os grupos genéticos (ICA1 e ICA2). Sendo assim, esses efeitos fixos foram incluídos no modelo de regressão aleatória. Como os quatro testes demonstraram os mesmos resultados, apenas os valores de Lambda de Wilks (Tabela 1.) foram apresentados.

Por outro lado, não foi observada diferença significativa para interação entre sexo e incubação e efeito quadrático para peso ao nascimento (Tabela 1), indicando que não há a necessidade de incluí-los no modelo. Isso permite reduzir o número de efeitos fixos e descomplexar o modelo.

Tabela 1. Resultado da análise multivariada da variância (MANOVA) de efeitos fixos e covariável para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade de codornas de corte dos grupos genéticos ICA I e ICA II.

Estatística	ICA I		ICA II	
	Valor	P-valor	Valor	P-valor
Sexo	0,8477	<0,0001	0,7695	<0,0001
Incubação	0,9150	0,0131	0,9010	0,0079
Sexo * Incubação	0,9792	0,5578	0,9624	0,2793
PN linear	0,9376	0,0099	0,9521	0,0382
PN quadrático	0,9624	0,0658	0,9994	0,9613

PN = Peso ao nascimento. Valor do teste estatístico de Lambda de Wilks e P valor.

Não foram encontradas diferenças significativas pelo TRV ( $P > 0,01$ ) entre os modelos (Tabela 2.) para ambos os grupos genéticos (ICAI e ICAII) e características (PC21 e PC35). Isso indica que todos os modelos fornecem explicações semelhantes para a variação observada nos componentes de covariância, podendo ser escolhido o modelo menos parametrizado ou que apresente melhor ajuste.

Tabela 2. Teste da razão de verossimilhança (TRV) para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade de codornas de corte dos grupos genéticos ICA I e ICA II.

Modelo	PC21				
	H1	H2	H3	H4	H5
H1	-	1,566(0,211)	2,148(0,342)	7,980(0,046)	8,322(0,080)
H2	2,604(0,107)	-	0,582(0,446)	6,414(0,040)	6,756(0,080)
H3	2,950(0,229)	0,346(0,556)	-	5,832(0,016)	6,174(0,046)
H4	3,296(0,348)	0,692(0,708)	0,346(0,556)	-	0,342(0,559)
H5	4,480(0,345)	1,876(0,599)	1,530(0,465)	1,184(0,277)	-

Modelo	PC35				
	H1	H2	H3	H4	H5
H1	-	0,002(0,964)	0,934(0,626)	1,504(0,681)	2,122(0,713)
H2	1,314(0,251)	-	0,932(0,334)	1,502(0,471)	2,120(0,547)
H3	2,562(0,277)	1,248(0,263)	-	0,570(0,450)	1,188(0,552)
H4	4,448(0,216)	3,134(0,208)	1,886(0,169)	-	0,618(0,431)
H5	4,528(0,339)	3,214(0,359)	1,966(0,374)	0,08(0,777)	-

Valor de TRV fora dos parênteses; o valor de probabilidade da distribuição de qui-quadrado a 1% de significância entre parênteses; valores para grupo genético ICA I acima da diagonal e ICA II abaixo da diagonal.

Modelos com homogeneidade de variância residual apresentaram menores valores de BIC para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade em ambos os grupos genéticos (Tabela 3), o que indicaria melhores ajustes para os modelos sem classes de variância residual. Na medida em que o número de classes aumentou, os valores de BIC aumentaram, sendo o modelo heterogêneo com cinco classes de variância residual o que apresentou maior valor de BIC.

Os resultados divergem dos observados para os aminoácidos metionina+cistina e triptofano em codornas de corte, nos quais foram observados melhores ajustes com os modelos com heterogeneidade de variância residual. Nos estudos, os modelos com duas classes predominam quanto ao melhor ajuste para peso corporal em codornas criadas em diferentes níveis destes aminoácidos (GOUVEIA *et al.*, 2019; MIRANDA *et al.*, 2016; RODRIGUES *et al.*, 2018).

Tabela 3. Teste de ajuste de modelos de regressão aleatória para peso corporal de codornas de corte ICAI e ICAII

Grupo Genético	Característica	Modelo	nP	log L	BIC
ICAI	Peso corporal aos 21 dias	H1	4	-572,254	1164,73
		H2	5	-571,471	1168,22
		H3	6	-571,180	1172,70
		H4	7	-568,264	1171,92
		H5	8	-568,093	1176,64
	Peso corporal aos 35 dias	H1	4	-583,056	1186,15
		H2	5	-583,055	1191,16
		H3	6	-582,589	1195,24
		H4	7	-582,304	1199,68
		H5	8	-581,995	1204,08
ICAII	Peso corporal aos 21 dias	H1	4	-505,069	1030,02
		H2	5	-503,77	1032,38
		H3	6	-503,59	1037,01
		H4	7	-503,42	1041,63
		H5	8	-502,83	1045,42
	Peso corporal aos 35 dias	H1	4	-517,345	1054,40
		H2	5	-516,688	1058,01
		H3	6	-516,064	1061,69
		H4	7	-515,121	1064,73
		H5	8	-515,081	1069,58

Modelo homogêneo com uma classe de variância residual (H1) e modelos heterogêneo com classes 2, 3, 4 e 5 classes (H2, H3, H4 e H5); nP = número de parâmetros; log L = logaritmo natural da função da máxima verossimilhança; BIC = critério de informação Bayesiano e Schwarz.

Os valores observados no presente trabalho diferem também do observado por Faria *et al.* (2017) para codornas de corte criadas em diferentes níveis de treonina. Os autores verificaram que modelos com heterogeneidade de variância residual com duas classes tiveram melhor ajuste para PC21 e para PC35 em dois grupos genéticos.

Embora não houve diferença significativa entre os modelos, as diferentes classes de variância residual podem influenciar na decomposição dos componentes de variância. É possível observar as tendências das variâncias genéticas aditivas e residuais e a herdabilidade para PC21 e PC35 (Figuras 1 e 2).

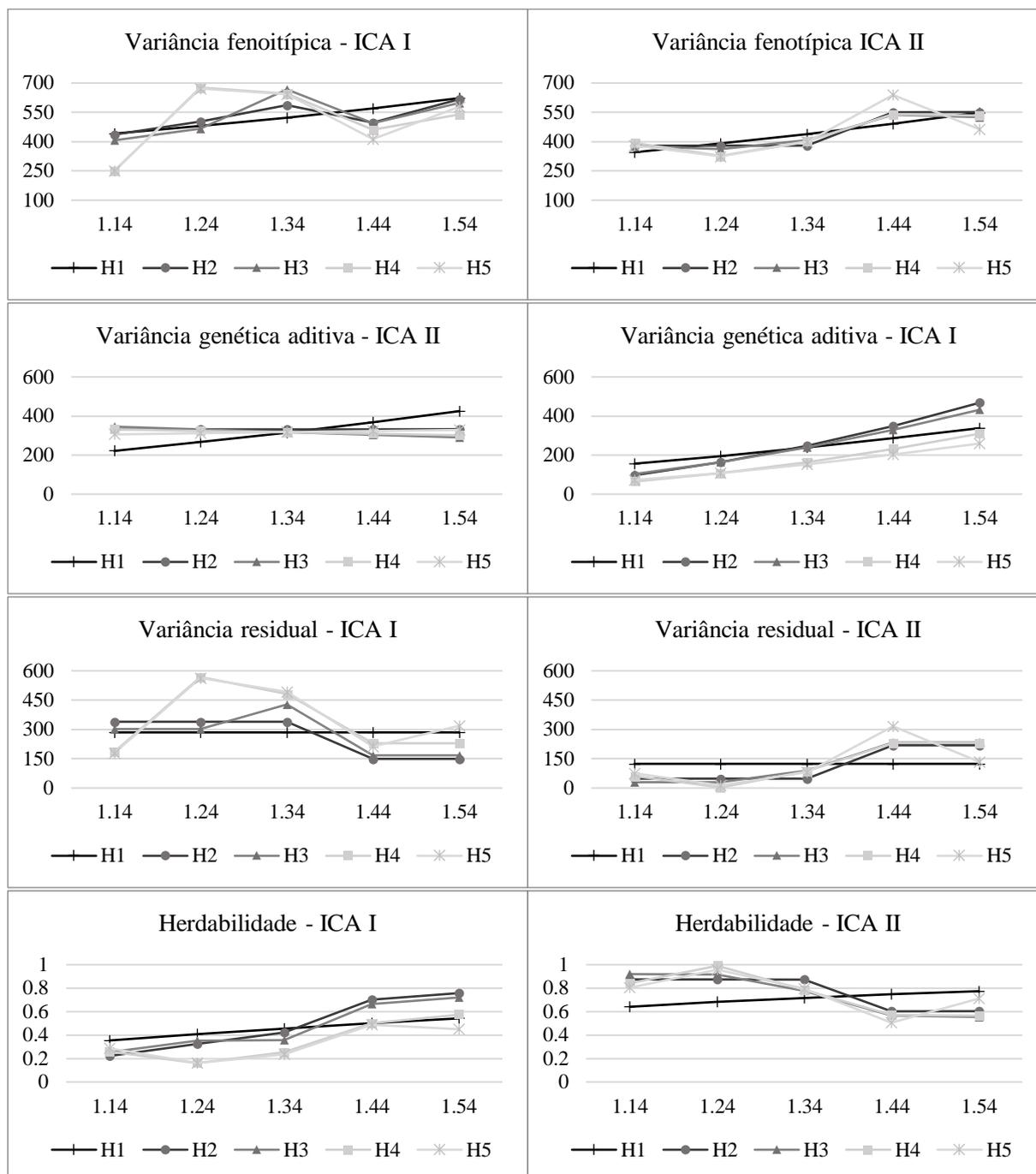


Figura 1. Estimativas de componentes de variância e herdabilidades de peso corporal aos 21 dias para os modelos de com classes de variância residual de uma a cinco (H1, H2, H3, H4 e H5) em diferentes níveis de treonina.

Para PC21 no grupo ICA I, as variâncias genéticas aditivas e as estimativas de herdabilidade aumentaram com o nível de treonina em todos os modelos. Para o grupo ICA II, observou-se aumento na variância genética aditiva e herdabilidade com o modelo H1, enquanto os demais modelos apresentam variância genética aditiva mais estável e herdabilidades menores com o aumento do nível de treonina.

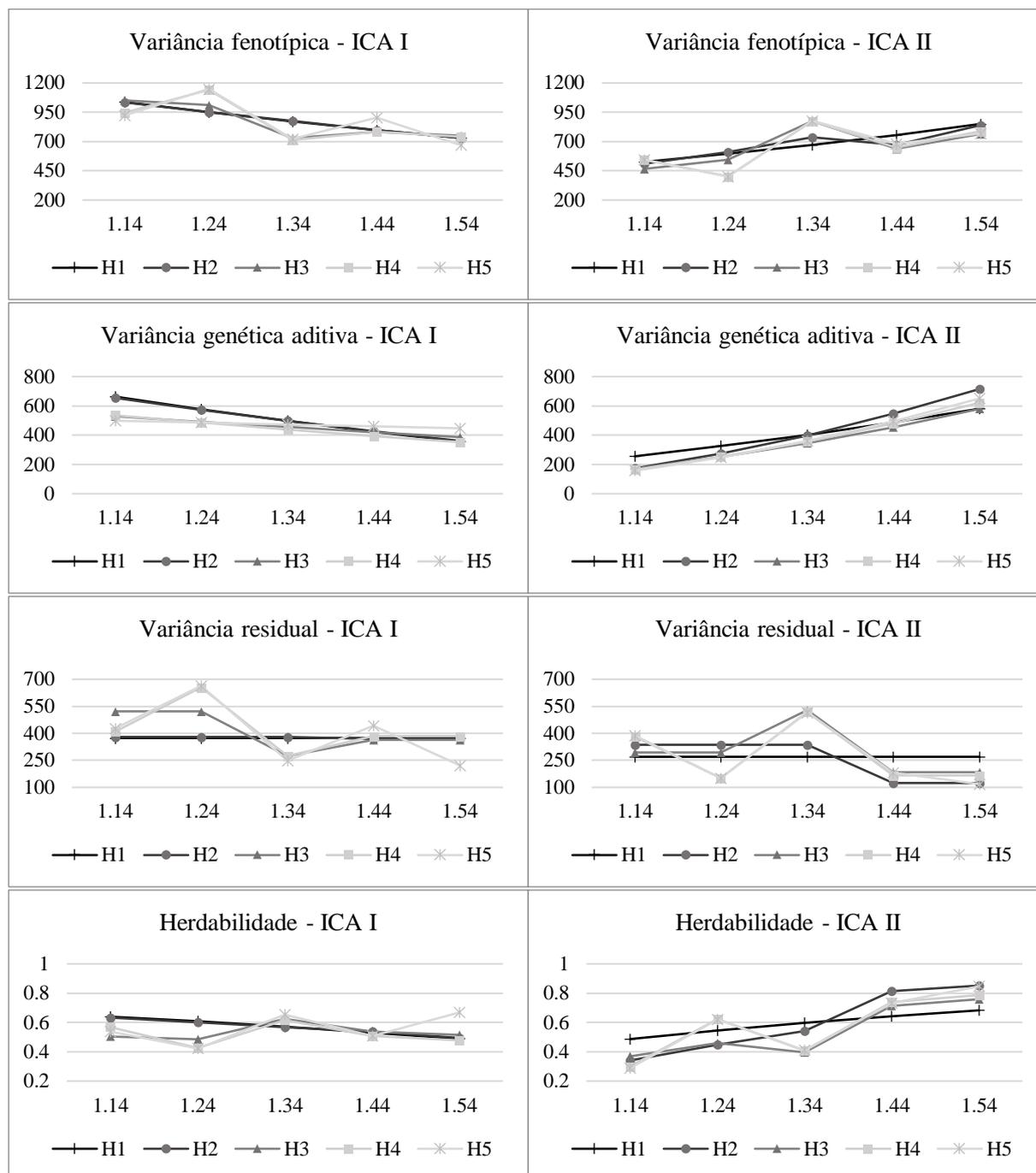


Figura 2. Estimativas de componentes de variância e herdabilidades de peso corporal aos 35 dias para os modelos de com classes de variância residual de uma a cinco (H1, H2, H3, H4 e H5) em diferentes níveis de treonina.

Para PC35 no grupo genético ICA I, houve redução na variância genética aditiva e nas estimativas de herdabilidade à medida em que aumentou o nível de treonina em todos os modelos. O contrário foi observado para o grupo genético ICA II, o qual apresentou aumento da variância genética aditiva e de herdabilidade com o aumento do nível de treonina.

De maneira geral, o modelo H1 se destacou como melhor ajuste para PC35 e PC21. Como os modelos menos parametrizados foram estatisticamente iguais aos modelos mais parametrizados observado pelo TRV, os modelos com homogeneidade de variância residual foram escolhidos para descrever as variações dos parâmetros genéticos.

## CONCLUSÃO

O efeito de sexo e incubação foram significativos sobre o peso corporal de codornas de corte aos 21 e 35 dias de idade e o efeito de peso ao nascimento foi linear. As estimativas de variâncias e herdabilidades não foram influenciadas pela modelagem da variância residual. O modelo que considera homogeneidade de variância residual foi o que melhor se ajustou e pode ser adotado para modelar as variâncias residuais associadas à regressão aleatória nos diferentes níveis de treonina testado.

## AGRADECIMENTOS

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo suporte financeiro; ao grupo de estudo em produção avícola - GEPavi da Universidade Federal de Minas Gerais; e a todos que colaboraram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

---

Todos os autores declararam não haver qualquer potencial conflito de interesses referente a este artigo.

---

## REFERÊNCIAS

- ALCÂNTARA, D. C.; BONAFÉ, C. M.; VERARDO, L. L.; MOTA, L. F. M.; RODRIGUES, R. F. M.; CAMPIDELLI, T. S.; COSTA, L. S.; LEITE, N. R.; LITIERE, T. O.; SILVA, R. B.; PIINHEIRO, S. R. F.; SOUSA, M. F. Evidence of nutriente by genotype interaction in meat quail strains through reaction norm models. *Livestock Science*, v. 228, n. 1, p. 42-48, jul., 2019.
- FARIA, G. Q.; BONAFÉ, K. A. R.; SILVA, M. A.; COSTA, L. S.; LIMA, H. J. D.; CAMPOS, F. G.; SILVA, R. B.; SILVA, A. A.; TAROCÔ, G.; ROCHA, G. M. F.; MIRANDA, J. A. Estimação de valores genéticos para codornas europeias em função dos níveis da relação treonina:lisina da dieta: do nascimento aos 21 dias de idade. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 69, n. 1, p. 214-224, 2017.
- GOUVEIA, G. C.; FERREIRA, F.; ABREU, L. R. A.; RIBEIRO, V. M. P.; ROCHA, B. M. M.; TORAL, F. L. B.; SILVA, M. A. Reaction norm models for the study of genotype x methionine + cystine level interaction in meat-type quail. *Livestock Science*, v. 229, n. 1, p. 53-63, set, 2019.
- MEYER, K. WOMBAT: A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University SCIENCE B*, v. 8, n. 11, p. 815-821, Nov. 2007.
- MIRANDA, J. A.; PIRES, A. V.; ABREU, L. R. A.; MOTA, L. F. M.; SILVA, M. A.; BONAFÉ, C. M.; LIMA, H. J. D.; MARTINS, P. G. M. A. Sensitivity of breeding values for carcass traits of meat-type

quail to changes in dietary (methionine + cystine):lysine ratio using reaction norm models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 133, n. 6, p. 463-475, 2016.

MOTA, L. F. M.; ABREU, L. R. A.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. D.; BONAFÉ, C. M.; COSTA, L. S.; SOUZA, K. A. R.; MARTINS, P. G. M. A. Genotype x dietary (methionine+cystine):lysine interaction for body weight of meat-type quails using reaction norm models. **Livestock Science**, v. 182, p. 137-144, nov. 2015.

NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient Requirements of Poultry**: 1994. 9. ed. Washington: National Academies Press, 1994. 157p.

RODRIGUES, R. F. M.; SOURA, M. F.; CRUZ, V. A. R.; CAMPIDELI, T. S.; COSTA, L. S.; PINHEIRO, S. R. F.; VERARDO, L. L.; BONAFÉ, C. M. Sensitivity of breeding values of meat quails as a result of tryptophan:lysine rations in the diet. **Revista Brasileira de Saúde Produção Animal**, Salvador, v. 19, n. 4, p. 403-414, out./dez., 2018.

ROSTAGNO, H. S. *et al.* **Tabelas Brasileiras para Aves e Suíno**: composição de alimentos e exigências nutricionais. 4. ed. Viçosa: Departamento de Zootecnia, 2017. p. 145-202.

SAS® (Statistical Analysis System): **OnDemand for Academics**, Release 3.1.0. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. 2021.

TARÔCO, G.; GAYA, L. G.; MOTA, L. F. M.; SOUZA, K. A. R.; LIMA, H. J. D.; SILVA, M. A. Heritability and genotype-environment interactions for growth curve parameters in meat-type quail fed different threonine:lysine rations from hatching to 21 d of age. **Poultry Science**, v. 98, n. 1, p. 69-73, 2019.

VELOSO, R. C.; ABREU, L. R. A.; MOTA, L. F. M.; CASTRO, M. R.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. A.; BOARI, C. A. Modelos de norma de reação para estudo das características de qualidade de carne de codornas de corte em função das razões (metionina + cistina):lisina da dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 67, n. 5, p. 1438-1448, 2015.

VIDAL, T. Z. B.; FONTES, D. O.; FERREIRA, F.; GODINHO, R. M.; SILVA, M. A.; CORRÊA, G. S. S. Teor de metionina + cistina para codornas de corte do nascimento aos 21 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.1, p.242-248, 2015.

**5. ARTIGO 2 - SENSIBILIDADE DOS VALORES GENÉTICOS DE  
CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE  
TREONINA**

(Artigo escrito de acordo com as normas da **Revista Desafios – Revista  
Interdisciplinar da Universidade Federal do Tocantins**  
(ISSN - 2359-3652)

## **SENSIBILIDADE DOS VALORES GENÉTICOS DE CODORNAS DE CORTE CRIADAS EM DIFERENTES NÍVEIS DE TREONINA**

*SENSITIVITY OF GENETIC VALUES OF QUAILS RAISED AT DIFFERENT LEVELS OF THREONINE*

*SENSIBILIDAD DE LOS VALORES GENÉTICOS DE CODORNICES DE CARNE CRIADAS EN DIFERENTES NIVELES DE TREONINA*

### **RESUMO**

O objetivo foi avaliar a presença de interação genótipo x ambiente em codornas de corte de dois grupos genéticos (ICA I e ICA II) para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade (PC21 e PC35) criadas com cinco níveis de treonina (1,14; 1,24; 1,34; 1,44 e 1,54). Foi utilizado 1.844 registros de peso corporal e pedigree composto por 5.407 animais de cinco gerações. Foram calculados coeficientes de regressão aleatória considerando o efeito genético aditivo direto, homogeneidade na variância residual e ajuste por polinômios ordinários de ordem dois. Os coeficientes foram usados para criar normas de reação. As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) e variância genética aditiva aumentaram com o aumento dos níveis de treonina, exceto para PC35 em ICA I. Para PC21, a  $h^2$  no menor e no maior nível foi 0,35 e 0,54 para ICA I e 0,64 e 0,77 para ICA II. Para PC35, a  $h^2$  no menor e maior nível foi 0,64 e 0,49 para ICA I e 0,49 e 0,68 para ICA II. Não houve reclassificação dos valores genéticos, portanto, a predição dos valores pode ser feita em qualquer dos níveis testados.

**Palavras-chave:** herdabilidade; normas de reação; regressão aleatória; variância genética.

### **ABSTRACT**

*The objective was to evaluate the presence of GxE interaction and sensitive genes in meat quails from two genetic groups (ICA I and ICA II) for body weight at 21 and 35 days of age (BW21 and BW35) raised with five levels of threonine (1.14; 1.24; 1.34; 1.44 and 1.54). 1,844 weight and pedigree records were used, consisting of 5,407 animals from five generations. Random regression coefficients were calculated considering the direct additive genetic effect, homogeneity in residual variance and adjustment by ordinary polynomials of order two. The coefficients were used to create reaction norms. The estimates of heritability ( $h^2$ ) and additive genetic variance increased with increasing threonine levels, except for BW35 in ICA I. For BW21, the  $h^2$  at the lowest and highest levels was 0.35 and 0.54 for ICA I and 0.64 and 0.77 for ICA II. For BW35,  $h^2$  at the lowest and highest levels was 0.64 and 0.49 for ICA I and 0.49 and 0.68 for ICA II. The genes were sensitive to environmental variation, indicating*

*GxE interaction. There was no reclassification of genetic values, therefore, prediction of values can be made at any of the levels tested.*

**Keywords:** *heritability; reaction norms; random regression; genetic variance.*

## RESUMEN

*El objetivo fue evaluar la presencia de interacción GxE y genes sensibles en codornices de carne de dos grupos genéticos (ICA I e ICA II) para peso corporal a los 21 y 35 días de edad (PC21 y PC35) criadas con cinco niveles de treonina (1.14; 1.24; 1.34; 1.44 y 1.54). Se utilizaron 1.844 registros de peso y pedigrí, conformados por 5.407 animales de cinco generaciones. Los coeficientes de regresión aleatoria se calcularon considerando el efecto genético aditivo directo, la homogeneidad en la varianza residual y el ajuste por polinomios ordinarios de orden dos. Los coeficientes se utilizaron para crear normas de reacción. Las estimaciones de heredabilidad ( $h^2$ ) y varianza genética aditiva aumentaron al aumentar los niveles de treonina, excepto para PC35 en ICA I. Para PC21, el  $h^2$  en los niveles más bajo y más alto fue 0,35 y 0,54 para ICA I y 0,64 y 0,77 para ICA II. Para PC35,  $h^2$  en los niveles más bajo y más alto fue 0,64 y 0,49 para ICA I y 0,49 y 0,68 para ICA II. Los genes eran sensibles a la variación ambiental, lo que indica una interacción GxE. No hubo reclasificación de valores genéticos, por lo tanto, se puede realizar predicción de valores en cualquiera de los niveles probados.*

**Palabras clave:** *heredabilidad; normas de reacción; regresión aleatoria; variación genética.*

## INTRODUÇÃO

Modelos de avaliações genéticas habitualmente estimam valores genéticos para cada animal, independente do ambiente, admitindo que o desempenho irá se repetir em ambientes distintos. Entretanto, pode haver heterogeneidade de variância aditiva para cada ambiente, o que caracteriza interação genótipo e ambiente podendo inclusive alterar a ordem de classificação dos animais com base em seu valor genético (ALCÂNTARA *et al.*, 2019).

As normas de reação são padrões de valores genéticos preditos comumente utilizadas para caracterizar interação genótipo x ambiente. Estes modelos são construídos por meio de funções lineares, montadas a partir de coeficientes de regressão aleatória estimadas para cada ambiente. Assim, é possível prever valores genéticos, variância genética e estimar herdabilidade para qualquer nível da variável ambiental dentro do intervalo testado (MIRANDA *et al.*, 2016; RODRIGUES *et al.*, 2018).

Diferentes níveis nutricionais ou mesmo um gradiente na concentração de um nutriente podem ser compreendidos como ambientes diferentes e permitir o estudo da interação genótipo x ambiente. Níveis de proteína bruta são utilizados nestas avaliações para codornas e demonstram interações

significativas que podem levar a redução de ganhos genéticos em programas de seleção (CAETANO *et al.*, 2017).

O uso do conceito de proteína ideal associado à suplementação de aminoácidos digestíveis está cada vez mais comum na nutrição animal. Dietas com base em milho e farelo de soja apresentam aminoácidos essenciais como metionina e lisina como os primeiros limitantes. Esses aminoácidos são muito utilizados como objetos de estudo em avaliações de interação genótipo e ambiente em codornas de corte, apresentando mudanças na expressão de características produtivas quando os animais são submetidos a diferentes níveis (GOUVEIA *et al.*, 2019; MOTA *et al.*, 2015).

A treonina se destaca como o terceiro aminoácido limitante para aves em dietas com base em milho e farelo de soja. A treonina tem efeito imunomodulatório no trato gastrointestinal, sendo precursora da imunoglobulina A (IgA), que atua na proteção das mucosas contra patógenos (ZHANG *et al.*, 2017). A exigência em treonina é alta em aves em consequência das altas taxas de renovação proteica no sistema gastrointestinal e representa em torno de 30% dos componentes da mucina, que atua como barreira física contra patógenos. Em casos de deficiência nutricional ou desafios imunológicos, a treonina corporal é mobilizada para manutenção do sistema imunológico intestinal, o que pode reduzir o desempenho das aves (BORTOLUZZI; ROCHELL; APPLGATE, 2018; TANG *et al.*, 2021).

Em função da possibilidade de variação no desempenho dos indivíduos devido a interação entre genótipo x ambiente, com consequente redução no ganho genético em programas de melhoramento dessa espécie, objetivou-se avaliar a existência de interação genótipo para peso corporal em função dos níveis de treonina na dieta de dois grupos genéticos de codornas de corte por intermédio de modelos de normas de reação montadas com coeficientes de regressão aleatória sob modelo animal, e assim verificar sua influência sobre animais sob seleção.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O trabalho foi realizado em Montes Claros, Minas Gerais, localizado nas coordenadas 16°40'41.8"S e 43°50'30.9"W. O experimento foi aprovado pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da UFMG, protocolo número 122/2022.

Foi utilizado um conjunto de dados composto por 953 registros de peso corporal de codornas de corte do grupo genético ICA I e 891 registros de peso do grupo genético ICA II. Os dados incluíram medições do peso ao nascimento, peso na fase inicial (21 dias) e peso final (35 dias). O pedigree foi composto por 2.678 aves do grupo genético ICA I e 2.797 aves do grupo genético ICA II, provenientes do acasalamento controlado de 48 machos e 96 fêmeas de cada grupo genético, na proporção de um macho para duas fêmeas, com dados de três incubações distintas.

As dietas foram formuladas à base de milho e farelo de soja, com proteína bruta de 26,86% e energia metabolizável de 2900 kcal/kg, com diferentes níveis de treonina (1,14; 1,24; 1,34, 1,44 e 1,54%), compondo os diferentes tratamentos de variação ambiental. Essas dietas foram formuladas com base nas exigências nutricionais de lisina e metionina+cistina (VIDAL *et al.*, 2015) e treonina (objeto desse estudo), e demais exigências recomendadas pelo NRC (1994) e conteúdo e composição nutricional dos ingredientes de acordo com Rostagno *et al.* (2017).

Para avaliar o efeito da interação entre genótipo e ambiente, foi realizada análise de regressão aleatória sobre o modelo animal. Foram estimados coeficientes de regressão aleatória (intercepto e inclinação) para cada codorna. A análise foi realizada com estimativa de componentes de covariância por máxima verossimilhança restrita (REML) com auxílio do *software* WOMBAT (MEYER, 2007).

No modelo utilizado, o efeito linear de peso ao nascimento foi utilizado como covariável, foram considerados os efeitos fixos de sexo e incubação e o efeito aleatório foi o genético aditivo direto. Foi assumido homogeneidade de variância residual entre os níveis de treonina para os pesos aos 21 e 35 dias de idade. A estimação dos coeficientes intercepto e inclinação foram por polinômio ordinário de ordem dois.

Os coeficientes foram utilizados para criar funções lineares em função do nível de treonina. Assim, as funções foram utilizadas para montar as normas de reação e verificar o comportamento e a dispersão dos valores genéticos ao longo do gradiente ambiental. O modelo é representado por:

$$y_{ij} = \sum_{k=0}^1 \beta_k x_k(i) + \sum_{k=0}^1 \alpha_{hk} x_k(i) + F + e_{hij}$$

Em que:  $y_{ij}$  é a observação do animal  $i$ , alimentado com o nível de treonina  $j$ ;  $\beta_k$  é o coeficiente de regressão fixo do peso sobre o polinômio natural  $k$ ;  $x_k(j)$  é o polinômio natural  $k$  atribuído ao nível de treonina  $j$ ;  $\alpha_{jk}$  é o coeficiente de regressão genético aditivo direto para codorna  $h$ ;  $F$  é conjunto dos efeitos fixos (sexo, incubação e peso ao nascimento linear);  $e_{ij}$  é o efeito aleatório residual do animal associado à  $y_{ij}$ .

O modelo em notação matricial é descrito como:

$$y = Xb + Za + F + e$$

Em que:  $y$  é o vetor de observações;  $b$  é o vetor com coeficientes de regressão fixo do peso;  $a$  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 ordinário referente ao nível de treonina na dieta da observação  $y$ ;  $F$  é a matriz de conjunto de efeitos fixos; e  $e$  é o vetor de resíduos.

A matriz de variância e covariância dos coeficientes da regressão está representado por:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a1a2} \\ \sigma_{a1a2} & \sigma_{a2}^2 \end{bmatrix}$$

Em que:  $\sigma_{a1}^2$  e  $\sigma_{a2}^2$  são os componentes de variância atribuída ao coeficiente de regressão intercepto e inclinação do efeito genético aditivo direto, respectivamente;  $\sigma_{a1a2}$  é o componente de covariância entre os coeficientes intercepto e inclinação.

A estimação de  $G$  possibilitou estimar variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas utilizando funções de covariância para qualquer nível de treonina na dieta entre os níveis testados. A covariância genética aditiva direta em função do nível de treonina ( $j$ ) foi obtida por:

$$\sigma_{a_{jj'}} = Z_j G Z'_{j'}$$

Em que:

$$Z_j = [x_0(j) \quad x_1(j)]$$

$$Z'_{j'} = [x_0(j') \quad x_1(j')]$$

Ao estimar as variâncias genética para os diferentes níveis, as herdabilidades de peso corporal nas diferentes idades foram estimadas para cada nível de treonina testado. A estimação foi realizada utilizando o modelo a seguir, em que  $j$  representa o nível de treonina:

$$h_{a_j}^2 = \frac{Z_j G Z'_j}{Z_j G Z'_j + \sigma_e^2}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de (co)variâncias dos coeficientes da regressão aleatória (intercepto e inclinação) estimados, as variâncias residuais e as correlações entre as variâncias dos coeficientes estão dispostas na Tabela 1. Todas as correlações entre os coeficientes da regressão aleatória foram altas, sendo possível observar correlações positivas entre os coeficientes da regressão para quase todas as idades. A exceção foi para o peso corporal aos 35 dias no grupo genético de codornas de corte ICA II, que apresenta uma correlação negativa.

Devido às correlações elevadas entre os coeficientes, pode haver variação na dispersão dos valores ao longo do gradiente, visto que os coeficientes de inclinação atribuídos a cada animal diferem e são proporcionais ao intercepto. Desse modo, correlações entre o intercepto e inclinação próximas de +1 terão a tendência de aumentar a dispersão dos valores genéticos preditos ao longo dos níveis, ao passo que correlações próximas de -1 irá reduzir a dispersão dos valores genéticos (MIRANDA, *et al.*, 2016; SU *et al.*, 2006).

Foi possível identificar tendência de inclinação dos valores genéticos em todas as idades, sendo que os coeficientes de inclinação exibiram variações na dispersão dos valores genéticos dependendo da magnitude do coeficiente intercepto ( $\sigma_{b1}^2$ ). Essas mudanças na dispersão dos valores genéticos ao longo

dos níveis de treonina apontam para a heterogeneidade na sensibilidade dos valores genéticos, o que pode caracteriza a interação genética x ambiente (ALCÂNTARA *et al.*, 2019; TARÔCO *et al.*, 2019).

Tabela 1. Componentes de variância dos coeficientes de regressão aleatórios intercepto e inclinação ( $\sigma_{b_0}^2$  e  $\sigma_{b_1}^2$ ) do efeito genético aditivo direto, covariância entre os coeficientes ( $\sigma_{b_1b_0}$ ), variância residual ( $\sigma_e^2$ ) e correlação entre os coeficientes ( $r_{b_1b_0}$ ) em diferentes níveis de treonina.

ICA I					
Característica	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{b_1b_0}$	$\sigma_e^2$	$r_{b_1b_0}$
PC21	121,62	2,16	16,21	285,01	0,9998
PC35	754,46	2,94	-47,07	373,98	-0,9998
ICA II					
Característica	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{b_1b_0}$	$\sigma_e^2$	$r_{b_1b_0}$
PC21	180,94	2,05	19,27	124,09	0,9998
PC35	195,19	4,10	28,29	269,76	0,9999

Peso corporal aos 21 e 35 dias de idade (PC21 e PC35) de codornas de corte dos grupos genéticos ICA I e ICA II.

As normas de reação, representadas na Figura 1, demonstram como a dispersão dos valores genéticos preditos varia em relação aos níveis de treonina. Para peso corporal aos 21 dias de idade, para ambos os grupos genéticos, as normas de reação indicam um aumento na dispersão dos valores genéticos à medida que os níveis de treonina aumentam. Isso indica que maiores níveis deste aminoácido aumentam a dispersão dos valores genéticos previstos, tornando mais fácil detectar diferenças genéticas entre os animais.

No entanto, a Figura 1 mostra diferenças na dispersão dos valores genéticos para o peso corporal aos 35 dias de idade entre os grupos genéticos. Para o grupo genético ICA I, houve redução na dispersão dos valores, enquanto para o grupo genético ICA II, houve aumento da dispersão à medida que aumenta os níveis de treonina. Isso sugere que, se ambos os grupos genéticos forem criados nas mesmas condições ambientais, poderia ser mais fácil verificar diferenças entre os valores genéticos.

As variações na dispersão dos valores genéticos podem indicar flutuações na variância genética aditiva, o que influencia diretamente as estimativas de herdabilidade, uma vez que foi admitido homogeneidade de variância residual. Neste contexto, observou-se mudança na variância genética aditiva, com aumento para peso corporal aos 21 dias em ambos os grupos genéticos à medida que os níveis de treonina aumentaram, o que resultou em estimativas de herdabilidade mais elevadas em níveis mais altos do aminoácido (Figura 2).

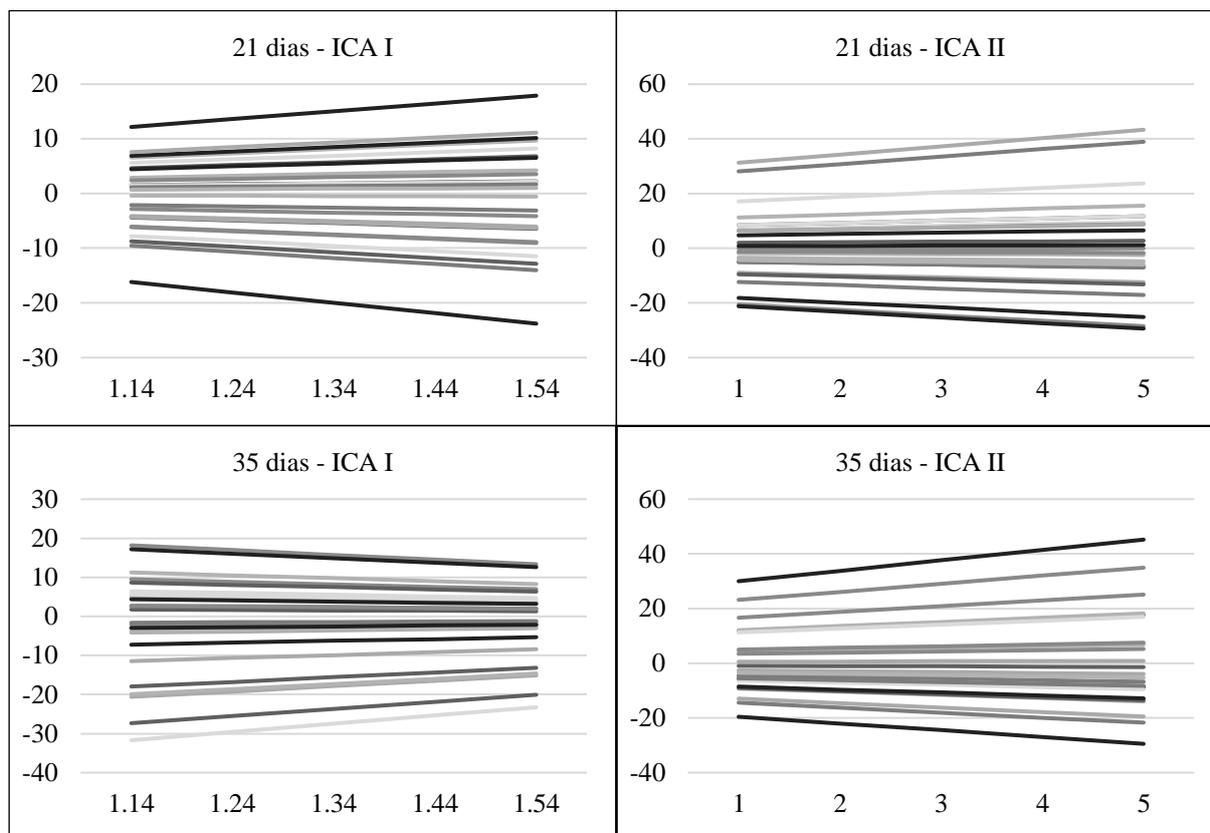


Figura 1. Norma de reação dos valores genéticos (eixo y) de codornas de corte para peso corporal aos 21 e 35 dias de idade para os grupos genéticos ICA I e ICA II em função do nível de treonina na dieta (eixo x) com 25 indivíduos selecionados ao acaso.

No grupo genético ICA I, as estimativas de herdabilidade para o peso corporal aos 21 dias de idade variaram consideravelmente, indo de 0,35 no menor nível para 0,54 no maior nível. Já no grupo genético ICA II, as estimativas de herdabilidade também variaram de 0,64 no menor nível para 0,77 no maior nível.

No entanto, para o peso corporal aos 35 dias de idade, verificou-se uma redução na variância genética aditiva à medida que os níveis de treonina aumentaram no grupo genético ICA I, assim com as estimativas de herdabilidade que foram de 0,64 no menor nível para 0,49 no maior nível (figura 2). Enquanto isso, no grupo genético ICA II, houve aumento na variância genética aditiva e nas estimativas de herdabilidade à medida que os níveis de treonina se elevaram, com herdabilidade de 0,49 no menor nível e de 0,68 no maior nível.

As estimativas de herdabilidade observadas aqui foram altas, embora possam ser encontrados valores parecidos observados por outros pesquisadores. Herdabilidades estimadas variando de média a alta são observadas em trabalhos com regressão aleatória utilizada em para curva de crescimento de

codornas de corte (BONAFÉ *et al.*, 2011; TEIXEIRA *et al.*, 2012) e em estudos de interação genótipo x ambiente (GOUVEIA *et al.*, 2019; TARÔCO *et al.*, 2019).

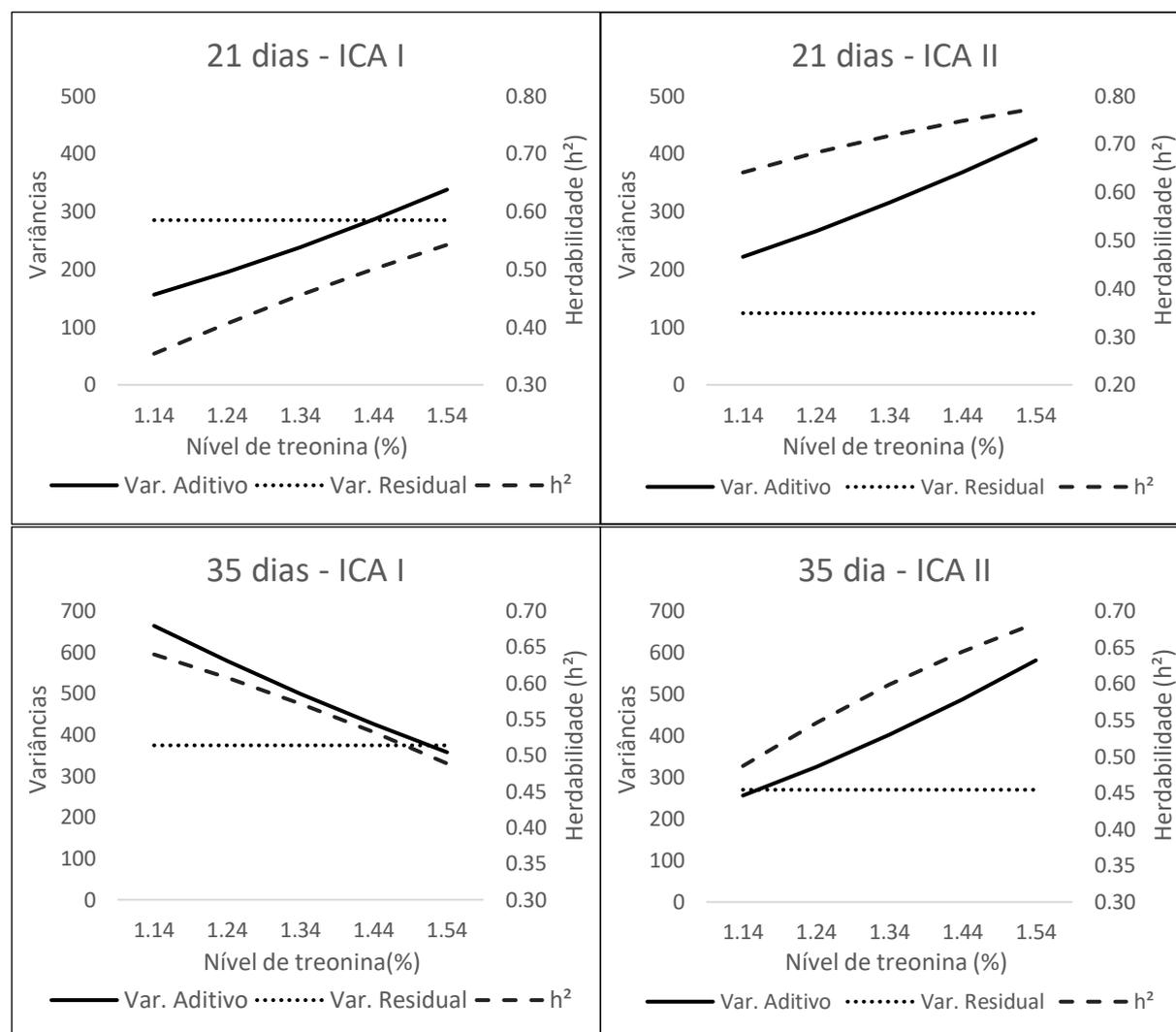


Figura 2. Herdabilidade, variância genética aditiva e variância residual para peso corporal aos 21 e 35 dias de idades de codornas de corte dos grupo genéticos ICA I e ICA II em diferentes níveis de treonina.

Herdabilidades mais altas indicam maior variação genética entre os indivíduos, o que resulta em maior possibilidade de ganho genético durante a seleção, pois podem aumentar a precisão e facilitar a estimação de valores genéticos (RODRIGUES *et al.*, 2018). Desse modo, ao optar por níveis mais baixos no grupo genético ICA I e mais altos no grupo genético ICA II, abre possibilidade em obter ganhos genéticos superiores para peso corporal aos 35 dias.

A diferença das herdabilidades observadas para do peso corporal aos 35 dias de idade entre os grupos genéticos pode ser atribuída a diferentes exigências de treonina entre esses grupos,

principalmente quando se aproximam do peso de abate. A aplicação da seleção genética em ambos os grupos genéticos tende a resultar na escolha de proporções genéticas distintas, o que, por sua vez, contribui para as diferenças nas características identificadas entre esses grupos (FARIA *et al.*, 2017; TARÔCO *et al.*, 2019).

Se o ambiente pode ser capaz de modular o genótipo, a mesma característica medida nos diferentes níveis de treonina é caracterizada como característica distinta. Dessa forma, a correlação genética entre dois níveis pode ser utilizada para caracterizar a interação genótipo x ambiente, pois na medida em que a correlação genética se afasta de 1, a associação entre as características diminui, o que pode indicar reordenamentos dos valores genéticos nos diferentes ambientes. Por vezes, correlação genética abaixo de 0,80 é admitida como presença de interação genótipo x ambiente (LEITE *et al.*, 2019; MOTA *et al.*, 2015).

Observou-se correlação genética alta entre todas as características avaliadas nos cinco níveis de treonina e em ambos os grupos genéticos, com valores superiores a 0,98. Assim, ao selecionar o melhor animal para peso corporal no menor nível, este animal também será o melhor no maior nível, indicando ausência de reclassificação dos valores genéticos.

Neste caso, se o programa de melhoramento optar por estratégias que visam reduzir custos com menores níveis de treonina, é possível afirmar que os animais selecionados não sofrerão perdas significativas em seus valores genéticos com a mudança do nível de treonina na dieta. Dessa forma, os descendentes irão expressar seu potencial máximo de acordo com as exigências específicas de produção comercial em qualquer nível dentre os níveis testados.

## CONCLUSÃO

Houve aumento e redução da dispersão dos valores genéticos para peso corporal de codornas de corte ICA I e ICA II, com as estimativas dos componentes de (co)variância e de herdabilidades influenciadas pelo nível de treonina. A correlação genética foi alta, portanto, a predição dos valores genéticos pode ser feita em qualquer nível entre os níveis testados sem que haja prejuízo ao progresso genético ao utilizar qualquer nível dentre os níveis testados.

## REFERÊNCIAS

ALCÂNTARA, D. C.; BONAFÉ, C. M.; VERARDO, L. L.; MOTA, L. F. M.; RODRIGUES, R. F. M.; CAMPIDELLI, T. S.; COSTA, L. S.; LEITE, N. R.; LITIERE, T. O.; SILVA, R. B.; PINHEIRO, S. R. F.; SOUSA, M. F. Evidence of nutrient by genotype interaction in meat quail strains through reaction norm models. *Livestock Science*, v. 228, p. 42-48, Oct. 2019.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, A.; TEIXEIRA, R. B.; SILVA, F. G.; SOUSA, M. F.; LEITE, C. D. S.; SILVA, L. P.; CAETANO, G. C. Heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão

aleatória na descrição do crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 10, p. 2129-2134, 2011.

BORTOLUZZI, C.; ROCHELL, S. J.; APPLGATE, T. J. Threonine, arginine, and glutamine: Influences on intestinal physiology, immunology, and microbiology in broilers. **Poultry science**, v. 97, n. 3, p. 937-945, 2018.

CAETANO, G. C.; SILVA, F. F.; CALDERANO, A.; SILVA, L. P.; RIBEIRO, J. C.; OLIVEIRA, L. T.; MOTA, R. R. Genotype and protein level interaction in growth traits of meat-type quail through reaction norm models. **Journal of Animal and Feed Sciences**, v. 26, n. 4, p. 333-338, Nov. 2017.

FARIA, G. Q.; BONAFÉ, C. M.; SOUZA, K. A. R.; SILVA, M. A.; COSTA, L. S.; LIMA, H. J. D.; CAMPOS, F. G.; SILVA, R. B.; SILVA, A. A.; TAROCÔ, G.; ROCHA, G. M. F.; MIRANDA, J. A. Estimação de valores genéticos para codornas europeias em função dos níveis da relação treonina:lisina da dieta: do nascimento aos 21 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 69, n. 1, p. 214-224, fev. 2017.

GOUVEIA, G. C.; FERREIRA, F.; ABREU, L. R. A.; RIBEIRO, V. M. P.; ROCHA, B. M. M.; TORAL, F. L. B.; SILVA, M. A. Reaction norm models for the study of genotype x methionine + cystine level interaction in meat-type quail. **Livestock Science**, v. 229, p. 56-63, Nov. 2019.

LEITE, N. R.; CAMPIDELI, T. S.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P.; PEREIRA, B. M.; FERREIRA, T. A.; ABREU, L. R. A.; FERNANDES, A. F. A.; TURRA, E. M.; SILVA, M. A.; BONAFÉ, C. M. Genotype x environmental interaction of growth traits to different levels of dietetic lysine for GIFT tilapia. **Aquaculture**, v. 499, p. 364-372, Jan. 2019.

MEYER, K. WOMBAT: A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal of Zhejiang University. SCIENCE B**, v. 8, n. 11, p. 815-821, Nov. 2007.

MIRANDA, J. A.; PIRES, A. V.; ABREU, L. R. A.; MOTA, L. F. M.; SILVA, M. A.; BONAFÉ, C. M.; LIMA, H. J. D.; MARTINS, P. G. M. A. Sensitivity of breeding values for carcass traits of meat-type quail to changes in dietary (methionine + cystine):lysine ratio using reaction norma models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 13, n. 6, p. 463-475, Dec. 2016.

MOTA, L. F. M.; ABREU, L. R. A.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. D.; BONAFÉ, C.M.; COSTA, L. S.; SOUZA, K. A. R.; MARTINS, P. G. M. A. Genotype x dietary (methionin + cystine):lysine ratio interaction for body wifht of meat-type quails using reaction norm models. **Livestock Science**, v. 182, p. 137-144, Nov. 2015.

NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient Requirements of Poultry: 1994**. 9. ed. Washington: National Academies Press, 1994. 157p.

RODRIGUES, R. F. M.; SOUSA, M. F.; CRUZ, V. A. R.; CAMPIDELI, T. S.; COSTA, L. S.; PINHEIRO, S. R. F.; VERARDO, L. L.; BONAFÉ, C. M. Sensitivity of breeding values of meet quail as a result of tryptophan:lysine ratios in the diet. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 19, n. 4, p. 403-414, Oct./Dec. 2018.

ROSTAGNO, H. S.; ALBINO, L. F. T.; DOZNELE, J. L.; GOMES, P. C.; OLIVEIRA, R. F.; LOPES, D. C.; FERREIRA, A. S.; BARRETO, S. L. T. Tabelas Brasileiras para Suínos e Aves: Composição de Alimentos e Exigências Nutricionais. **Tabelas Brasileiras para Aves e Suíno: composição de alimentos e exigências nutricionais**. 4. ed. Viçosa: Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, 2017. p. 145–202.

SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M. S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I. R.; JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 7, p. 1651-1657, Jul. 2006.

TANG, Q.; TAN, P.; MA, N.; MA, X. Physiological functions of threonine in animals: beyond nutrition metabolism. **Nutrients**, v. 13, n. 8, p. 2592-2605, Jul. 2021.

TARÔCO, G.; GAYA, L. G.; MOTA, L. F. M.; SOUZA, K. A. R.; LIMA, H. J. D.; SILVA, M. A. Heritability and genotype-environment interactions for growth curve parameters in meat-type quail fed different threonine:lysine ratios from hatching to 21 d of age. **Poultry Science**, v. 98, n. 1, p. 69-73, Jan. 2019.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; TEIXEIRA, R. B.; SILVA, L. P.; TORRES, R. A.; LEHNER, H. G.; CAETANO, G. C.; CRISPIM, A. C. Modelos de regressão aleatória para avaliação da curva de crescimento em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**, v. 42, n. 9, p. 1641-1647, set, 2012.

VIDAL, T. Z. B.; FONTES, D. O.; FERREIRA, F.; GODINHO, R. M.; SILVA, M. A.; CORRÊA, G. S. S. Teor de metionina + cistina para codornas de corte do nascimento aos 21 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.1, p.242-248, 2015.

ZHANG, Q.; CHEN, X.; EICHER, S. D.; AJUWON, K. M.; APPLGATE, T. J. Effect of threonine on secretory immune system using a chicken intestinal ex vivo model with lipopolysaccharide challenge. **Poultry Science**, n. 96, v. 9, p. 3043–3051. 2017.