

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

**Interação genótipo x ambiente em codornas
de corte e suas implicações em populações sob
seleção**

Gabriela Canabrava Gouveia

Belo Horizonte

2017

Gabriela Canabrava Gouveia

**Interação genótipo x ambiente em codornas
de corte e suas implicações em populações sob
seleção**

Dissertação 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 Mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Prof. Orientador: Dr. Martinho de Almeida e Silva

Profs. Coorientadores: Dr. Idalmo Garcia Pereira e Dra. Fabiana Ferreira

Belo Horizonte

2017

G719i Gouveia, Gabriela Canabrava, 1991-
Interação genótipo x ambiente em codornas de corte e suas implicações em populações
sob seleção / Gabriela Canabrava Gouveia. – 2017.
52 p. : il.

Orientador: Martinho de Almeida e Silva

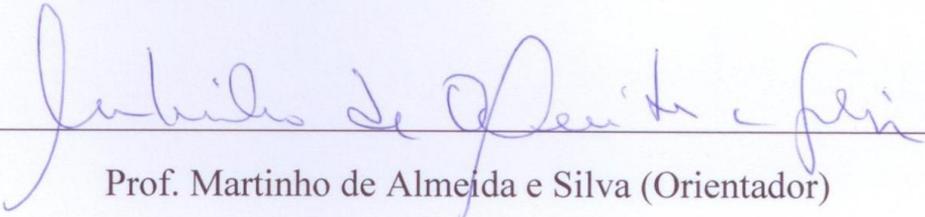
Coorientadores: Idalmo Garcia Pereira, Fabiana Ferreira

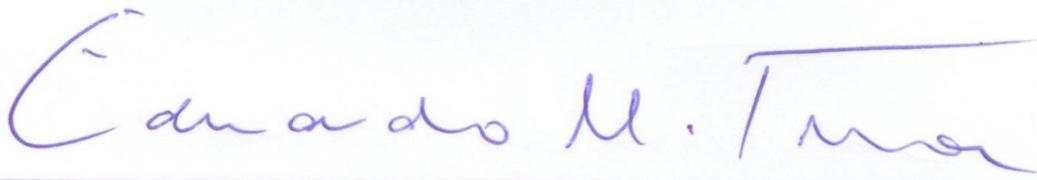
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária
Inclui bibliografia

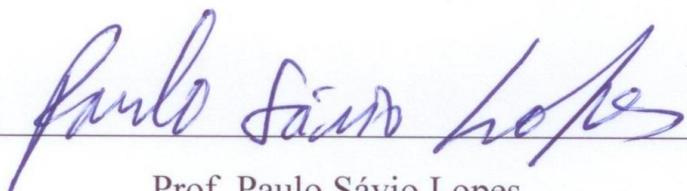
1. Codorna – Genética – Teses. 2. Genótipo – Teses. 3. Fenótipo – Teses. 4. Genética
animal – Teses. I. Silva, Martinho de Almeida e. II. Pereira, Idalmo Garcia. III. Ferreira,
Fabiana. IV. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. V. Título.

CDD – 636.596 08

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em 01/02/2017 pela comissão examinadora composta pelos seguintes membros:


Prof. Martinho de Almeida e Silva (Orientador)


Prof. Eduardo Maldonado Turra


Prof. Paulo Sávio Lopes

“A menos que modifiquemos a nossa maneira de pensar, não seremos capazes de resolver os problemas causados pela forma como nos acostumamos a ver o mundo.”

(Albert Einstein).

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Jacqueline e Fernando,

À minha irmã, Fernanda,

Ao meu noivo, Lucas

Com todo meu amor e gratidão,

dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida e por guiar cada passo dessa caminhada e a Maria por tornar a caminhada mais amena com sua doçura e ternura de Mãe. Agradeço a Ele também por ter colocado no meu caminho pessoas sem as quais essa conquista não seria possível.

Aos meus pais, Jacqueline e Fernando, por serem os meus maiores incentivadores e torcerem sempre pelo meu sucesso. Com certeza, o título conquistado é também de vocês. À minha irmã, Fernanda, pela amizade, cumplicidade, companheirismo e por seu exemplo de garra e dedicação para alcançar o que deseja. E aos meus avós, Eduardo e Luci, por serem sinônimo de amor em cada aspecto da minha vida e por terem construído uma família linda que me inspira a ser melhor diariamente.

Ao Lucas, pelo amor demonstrado nos pequenos gestos, pela parceria e companheirismo durante a correria do dia a dia, pela compreensão e por acreditar em mim e em nós acima de tudo.

Ao Professor Martinho de Almeida e Silva, por me permitir a honra de tê-lo como orientador. Obrigada por toda a paciência e confiança depositados em mim desde o período de iniciação científica até o mestrado, foi um prazer trabalhar com o senhor ao longo desses anos.

À Professora Fabiana Ferreira, coorientadora e amiga, pela contribuição na realização deste trabalho e pelo apoio e torcida para que esse sonho se tornasse realidade, obrigada!

Ao Professor Idalmo Garcia Pereira, por aceitar o convite em participar desse trabalho e por se disponibilizar a assumir a coordenação do setor de cotonicultura da Fazenda de Igarapé viabilizando a realização deste experimento, obrigada.

Ao Professor Fabio Luiz Buranelo Toral, pelo incentivo, disponibilidade e pela contribuição para minha formação acadêmica.

À eterna “Quail Family” e agregados: Fabiana, Flaviana, Rodrigo, Alex, Glausen, Muller, Thaís, Raísa, Brenda e Melina. Obrigada por todo o aprendizado compartilhado, por todo trabalho em grupo e especialmente por cada risada que ficará guardada com carinho na memória.

Às meninas do LADA: Luiza, Virginia, Larissa, Suzana, Fernanda e Talita, pelo abraço amigo, pelos ensinamentos que me transmitiram ao longo desse ano de convivência e que me fizeram crescer muito, profissionalmente e pessoalmente, pelo carinho e brincadeiras diárias e pelos puxões de orelha também.

Aos funcionários da Fazenda Experimental Prof. Hélio Barbosa, Eliane, Marciano, Carlinhos, Vantuir, Evaristo, Carol, Yolanda, Edna, Luzia, pela gentileza e pelo bom humor que sempre nos receberam, tornando nossos dias de trabalho mais leves.

Aos funcionários do LACA/LAMA, em especial Sr. Roberto e Sr. Nilson e aos motoristas da Escola de Veterinária, pela paciência e pelos momentos de diversão vividos no galpão de codornas e ou durante as viagens para a fazenda de Igarapé.

Ao Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária e Universidade Federal de Minas Gerais, pela oportunidade de realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À todos os amigos e familiares que não foram citados nominalmente, mas que também contribuíram, direta e indiretamente, com essa conquista. Muito obrigada pela torcida!

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	9
LISTA DE FIGURAS	10
RESUMO	11
ABSTRACT	13
1. INTRODUÇÃO GERAL	15
2. REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1. Interação Genótipo x Ambiente	17
2.2. Normas de reação	18
2.3. Interação genótipo x ambiente e níveis de metionina+cistina digestível para codornas de corte	22
3. MODELOS DE NORMA DE REAÇÃO PARA O ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CODORNAS DE CORTE	25
3.1. Introdução	25
3.2. Material e Métodos	26
3.3. Resultados	33
3.4. Discussão	42
3.5. Conclusões	46
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47
5. ANEXOS	51

LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1. Número de animais com dados (N), média de ganho de peso (g) (\bar{X}) e desvio padrão (SD) na segunda fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2 de acordo com os níveis de metionina+cistina digestível aparente estudados para as codornas criadas em cada nível.....	29
Tabela 3.2. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média de crescimento (K_b), efeitos genéticos aditivos (K_a), número de classes de variância residual (e) e Deviance Information Criterion (DIC), para os modelos de regressão aleatória utilizados na análise de ganho de peso de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2.....	34
Tabela 3.3. Variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) dos coeficientes da regressão aleatória ¹ dos modelos selecionados para descrever o ganho de peso de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2 em função dos níveis de metionina+cistina digestível das dietas	37
Tabela 3.4. Médias a posteriori de herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação aditivo (CV_a) (e intervalos de alta densidade com 90% das amostras) para ganho de peso na segunda fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2, recebendo diferentes níveis de metionina+cistina digestível aparente	40
Tabela 3.5. Médias a posteriori de correlações genéticas do ganho de peso (e intervalos de alta densidade com 90% das amostras) de codornas de corte na fase final de crescimento das linhagens EV1 e EV2 entre os diferentes níveis de metionina+cistina digestível na dieta ¹	41
Anexo A. Composição da dieta basal para primeira fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2	51
Anexo B. Composição percentual e calculada das dietas experimentais de codornas de corte do período do final de crescimento das duas linhagens de codornas de corte, EV1 e EV2	52

LISTA DE FIGURAS

- Figura 3.1.** Médias observadas (pontos) e estimadas (linhas) do ganho de peso de codornas de corte das duas linhagens, EV1 e EV2, estimadas pelos modelos LEG_{445} e LEG_{145} , respectivamente. Os desvios padrões das médias observadas estão representados pelas barras. 35
- Figura 3.2.** Variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) (traço) e intervalos de alta densidade com 90% de confiança (cinza) do ganho de peso de codornas de corte das duas linhagens, EV1 e EV2, estimados pelos modelos LEG_{445} e LEG_{145} , respectivamente. 39
- Figura 3.3.** Normas de reação dos valores genéticos aditivos do ganho de peso na segunda fase de crescimento dos 10 reprodutores que contribuíram com maior número de filhos no plantel de codornas das linhagens EV1 e EV2. 42

RESUMO

A interação genótipo x ambiente é aspecto importante que deve ser considerado nas avaliações genéticas de populações sob seleção. Modelos de norma de reação são frequentemente utilizados para o estudo da interação genótipo x ambiente e podem ser aplicados em populações que possuem o fenótipo de um grupo de indivíduos aparentados medido ao longo de um gradiente ambiental. Muitos pesquisadores assumem que a norma de reação de determinado genótipo ao longo do gradiente ambiental deve ser linear. Entretanto, impor um modelo linear como mais adequado para descrever o comportamento de determinada característica implica em aplicar restrições que impedem acompanhar seu progresso genético, ou seja, sua evolução ao longo dos diferentes ambientes. De modo geral, para compreender a evolução da característica ao longo do gradiente ambiental os parâmetros genéticos estimados via modelos de norma de reação devem ser analisados de forma complementar. Nesta dissertação, objetivou-se estudar a interação genótipo x ambiente em duas linhagens de codornas de corte na fase final de crescimento criadas sob diferentes níveis de metionina+cistina digestível aparente. Para tal, mensurou-se o ganho de peso dos 21 aos 35 dias de vida das aves. Os níveis testados foram 0,60; 0,70; 0,80; 0,90 e 1,00% de metionina+cistina digestível nas aves da linhagem EV1 e 0,61; 0,71; 0,81; 0,91 e 1,01% de metionina+cistina digestível nas aves da linhagem EV2. Foram utilizados modelos de norma de reação com polinômios de Legendre variando de ordem um a cinco para o ajuste dos efeitos fixos e aleatórios e considerou-se heterogeneidade de variância residual. Os modelos que melhor se ajustaram para cada linhagem diferiram entre si quanto a ordem do polinômio de Legendre utilizado para descrever a trajetória média, sendo necessários polinômios de quarta ordem para a linhagem EV1 e de primeira ordem para a linhagem EV2. Em relação ao

ajuste dos efeitos genéticos aditivos, polinômios de quarta ordem foram necessários para a modelagem nas duas linhagens. Ainda, para as duas linhagens modelos que consideraram heterogeneidade de variância residual com cinco classes foram os que melhor se ajustaram. Após determinar o modelo que melhor se ajustou para descrever o ganho de peso ao longo dos níveis de metionina+cistina digestível nas duas linhagens, os parâmetros genéticos foram estimados. As estimativas de correlação e as normas de reação dos genótipos em função dos níveis indicaram que há interação genótipo x nível de aminoácido fornecido às aves para ganho de peso na fase final de crescimento. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,37 a 0,72 ao longo dos ambientes da linhagem EV1 e de 0,20 a 0,75 ao longo dos ambientes da linhagem EV2. Além disso, foram observados altos valores de coeficiente de variação genético aditivo, variando de 0,09 a 0,17 na linhagem EV1 e 0,11 a 0,19 na linhagem EV2. Os resultados obtidos indicam que há variabilidade genética para o ganho de peso em codornas das duas linhagens e que a característica em estudo apresenta boa capacidade em evoluir ao longo das gerações por meio da seleção.

Palavras chave: avaliação genética, parâmetro evolutivo, parâmetro genético, seleção

ABSTRACT

The genotype x environment interaction is an important aspect that should be considered in the genetic evaluations of populations under selection. Reaction norms models are often used for the study of the genotype x environment interaction and can be applied to populations that have the phenotype of a group of related individuals measured along an environmental gradient. Many researchers assume that the reaction norm of a given genotype along the environmental gradient should be linear. However, imposing a linear model as more adequate to describe the behavior of a certain characteristic implies applying restrictions that prevent its genetic progress, that is, its evolution throughout the different environments. In general, in order to understand the evolution of the characteristic along the environmental gradient, the genetic parameters estimated through models of reaction norm must be analyzed in a complementary way. In this dissertation, we aimed to study the interaction genotype x environment in two lines of European quails in the final stage of growth created under different levels of methionine + cystine digestible apparent. For this, the weight gain was measured from 21 to 35 days old of the quails. The levels tested were 0.60; 0.70; 0.80; 0.90 and 1.00% methionine + cysteine digestible in the quails of the EV1 strain and 0.61; 0.71; 0.81; 0.91 and 1.01% methionine + cysteine digestible in quails of the EV2 strain. Legendre polynomial ranging from one to five orders were used for the adjustment of fixed and random effects and heterogeneity of residual variance was considered. The models that fit best for each strain differed according to the order of the Legendre polynomial used to describe the mean trajectory. Four-order polynomials for the EV1 and first-order polynomials for the EV2 strain were required. In relation to the adjustment of the additive genetic effects, fourth-order polynomials were required for modeling both strains. Also, for both strains models that

considered heterogeneity of residual variance with five classes showed best fit. After determining the model that best described the weight gain along the levels methionine + cystine digestible in both strains, genetic parameters were estimated. Correlation estimates and reaction norms of the genotypes as a function of levels of the environment gradient indicated interaction between genotype and the amino acid level supplied to the quails for weight gain in the final stage of growth. Heritability estimates ranged from 0.37 to 0.72 throughout the environments in EV1 strain and from 0.20 to 0.75 throughout the environments in EV2 strain. In addition, high values of coefficient of additive genetic variation were observed, ranging from 0.09 to 0.17 in the EV1 strain and 0.11 to 0.19 in the EV2 strain. The results indicate that there is genetic variability for weight gain in quails of both strains and that the characteristic in study can evolve over the generations through selection.

Key words: evolutionary parameter, genetic evaluation, genetic parameter, selection

1. INTRODUÇÃO GERAL

A realização de avaliações genéticas é de extrema importância para caracterizar geneticamente as populações sob seleção em programas de melhoramento animal. A interação genótipo x ambiente ocorre quando os genótipos apresentam respostas diferenciadas às variações no ambiente (Falconer e Mackay, 1996) e é fator determinante para a escolha dos indivíduos superiores em diferentes sistemas de produção, afetando diretamente o desempenho de animais criados em ambientes distintos daquele em que foram selecionados. À capacidade de determinado genótipo expressar diferentes fenótipos em função das condições ambientais a que está submetido dá-se o nome de sensibilidade ambiental, ou plasticidade fenotípica (Janhunen et al., 2016), e a diferença de plasticidade fenotípica entre os indivíduos é fator que caracteriza a interação genótipo x ambiente (Falconer e Mackay, 1996).

A abordagem estatística frequentemente utilizada para estudar a sensibilidade ambiental é a aplicação de modelos de norma de reação. Esses são modelos de regressão aleatória que utilizam funções de covariância para caracterizar o gradiente ambiental, de forma que o modelo de regressão aleatória possa ser aplicado em um número infinito de ambientes que estejam no intervalo padronizado pelas funções de covariância, e não apenas naqueles em que os fenótipos foram medidos (Kirkpatrick et al., 1990). A utilização de modelos de norma de reação nas avaliações genéticas permite estimar parâmetros genéticos para cada ambiente que constitui o gradiente testado, fornecendo ao pesquisador ferramentas importantes para o delineamento de programas de melhoramento genético e acompanhamento

do perfil genético das populações ao longo das gerações, possibilitado estudos de evolução das características quantitativas.

Objetivou-se com este trabalho estudar a interação genótipo x ambiente em duas linhagens de codornas de corte alimentadas com dietas contendo diferentes níveis de metionina+cistina digestível sobre o ganho de peso na fase final do crescimento.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Interação Genótipo x Ambiente

A interação genótipo x ambiente é caracterizada como uma resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, o que pode ocasionar alteração no ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes (Falconer e Mackay, 1996). Quando existe interação genótipo x ambiente, uma característica expressa em diferentes ambientes como países, zonas climáticas ou sistemas de produção, não pode ser considerada geneticamente a mesma característica, uma vez que o desempenho dos animais será influenciado em parte por grupos de genes distintos (Falconer, 1990; Kolmodin e Bijma, 2004).

A principal implicação da presença de interação genótipo x ambiente é que o progresso genético de populações para determinado fenótipo será independente em diferentes ambientes (Via e Lande, 1987). Os requisitos mínimos para que haja progresso genético são a existência de variação genética herdável e a ocorrência de seleção para determinada característica (Hoffmann e Merilä, 1999). Em populações sob seleção artificial a interação genótipo x ambiente é importante e deve ser considerada na avaliação genética para aumentar a resposta à seleção, uma vez que ao não contemplá-la a predição de valores genéticos se dará de forma menos acurada (Mattar et al., 2011; Cardoso e Tempelman, 2012). Além disso, a presença de interação genótipo x ambiente pode levar a mudanças no ranqueamento dos indivíduos em diferentes ambientes de criação, fazendo com que diferentes indivíduos sejam selecionados como pais da próxima geração em cada ambiente. Não considerar esse efeito ao

se realizar seleção de indivíduos que serão criados em condições ambientais distintas irá acarretar em desempenho inferior ao esperado na população.

Para avaliar a presença de interação genótipo x ambiente é necessário que indivíduos aparentados criados em diferentes ambientes tenham seu fenótipo medido. A partir dessas informações fenotípicas são, então, aplicadas metodologias estatísticas para quantificar o impacto da interação genótipo x ambiente sobre a população em estudo.

2.2. Normas de reação

Modelos de norma de reação são frequentemente utilizados para o estudo da interação genótipo x ambiente (Mattar et al., 2011; Cardoso e Tempelman, 2012; Mota et al., 2015; Ambrosini et al., 2016; Miranda et al., 2016). A predição da norma de reação é feita com o uso dos modelos de regressão aleatória, por intermédio das funções de covariância que modelam características longitudinais que se modificam ao longo de um gradiente ambiental. A utilização desse modelo permite prever o mérito genético relativo dos animais como função das mudanças graduais em uma covariável ambiental (Falconer e Mackay, 1996; Mota et al., 2016).

As funções de covariância foram propostas por Kirkpatrick et al. (1990) com o objetivo de ampliar a aplicação de modelos de regressão aleatória para um número infinito de características e ambientes, sendo mais apropriadas ao estudo de características em que o fenótipo do indivíduo seja uma função contínua. Estas funções de covariância podem ser obtidas por intermédio das estimativas de covariâncias entre os coeficientes de regressão

aleatória e permitem prever os valores genéticos e acompanhar o comportamento das variâncias ao longo do gradiente ambiental (Kirkpatrick et al., 1990; Mattar et al., 2011).

A escolha de funções matemáticas apropriadas para descrever os efeitos fixos e aleatórios é elemento chave para o ajuste de modelos de regressão aleatória (Miszta et al., 2000). A ordem e o tipo de função de covariância são atributos importantes nas avaliações genéticas que utilizam modelos de norma de reação. Ordens elevadas resultam em modelos muito parametrizados e computacionalmente dispendiosos, enquanto restringir a ordem da função de covariância a ser utilizada implica na impossibilidade de avaliar a evolução das características medidas nos diferentes ambientes (Gavrilets e Scheiner, 1993; Meyer, 2005). Por esse motivo, é indicado ajustar modelos com polinômios de ordens diversas e selecionar o mais apropriado com base em critérios de ajustamento, que levam em consideração as implicações advindas da parametrização.

As funções polinomiais vêm sendo amplamente utilizadas como funções de covariância. A utilização de coeficientes de regressão derivados do ajuste de funções ortogonais, a exemplo dos polinômios de Legendre, é útil para analisar os padrões de variação genética em características de crescimento (Kirkpatrick et al., 1990).

Ao empregar regressões polinomiais nas avaliações genéticas espera-se que os coeficientes da regressão, ou estimativas preditas pelo modelo ajustado, apresentem explicação biológica (Morrissey e Liefting, 2016), visto que estudos que utilizam esta metodologia decompõem os fenótipos observados na população em componentes genéticos, não genéticos e na interação entre eles. Os principais parâmetros abordados em estudos com modelos de norma de reação são variâncias e covariâncias (genética aditiva, residual, fenotípicas) e correlações e herdabilidades obtidas a partir dessas.

As variâncias e covariâncias genética aditiva e as correlações genéticas entre os níveis que compõe o gradiente ambiental são parâmetros indicados para avaliar a interação genótipo x ambiente. Esses parâmetros refletem o nível de associação genética entre a mesma característica medida em ambientes diferentes. Na presença de interação observa-se que a correlação genética entre as características difere de +1,0, o que é provavelmente explicado por grupos de genes distintos afetando, em parte, o desempenho dos animais (Falconer, 1990).

As estimativas de variância são importantes, pois permitem estimar as herdabilidades da característica em cada ambiente. A herdabilidade é um parâmetro de extrema relevância nas avaliações genéticas, uma vez que indica presença de variabilidade genética na população em estudo e está diretamente relacionada ao ganho genético obtido por geração em populações sob seleção artificial, sendo um indicador importante da capacidade de se obter ganho genético para as características quantitativas (Hoffmann e Merilä, 1999; Pigliucci, 2008). A herdabilidade é, porém, uma medida da variância genética aditiva padronizada pela variância fenotípica. Por esse motivo, a comparação de herdabilidades para indivíduos de grupo genéticos diferentes ou de características diferentes apresenta limitações.

Para suprir as limitações em se comparar herdabilidade de diferentes características e ou grupos genéticos, outros parâmetros como o coeficiente de variação aditivo podem ser estimados, uma vez que este parâmetro é uma medida da variância genética aditiva padronizada pela média da característica e, dessa forma, independente de outras fontes de variação (Garcia-Gonzalez et al., 2012). É importante ressaltar que as herdabilidades e coeficientes de variação aditiva devem ser sempre avaliados como parâmetros complementares para se concluir sobre a capacidade de se obter ganho genético por geração em populações submetidas a seleção artificial. Em populações sob seleção artificial trabalhos que estimam valores de coeficiente de variação aditivo ainda são escassos.

Em modelos de norma de reação, as variâncias genéticas aditivas e residuais podem se alterar ao longo do gradiente ambiental de acordo com a ordem das funções de covariância e o número de classes de variância residual considerados no modelo ajustado, em consequência, as herdabilidades e coeficientes de variação genética aditiva também podem se alterar ao longo dos ambientes que constituem o gradiente.

O modelo de norma de reação ainda permite prever a resposta à seleção na sensibilidade ambiental da característica e identificar os indivíduos mais robustos ou mais sensíveis às mudanças ambientais (De Jong e Bijma, 2002; Santana et al., 2015). Animais mais sensíveis às alterações ambientais são os genótipos plásticos e os menos sensíveis recebem a denominação de genótipos robustos (Falconer, 1990). A sensibilidade ambiental, ou plasticidade fenotípica, refere-se à habilidade de determinado genótipo de modificar seu fenótipo em resposta a mudanças no ambiente (Janhunen et al., 2016). Esta sensibilidade é dada pela declividade da norma de reação e pode se apresentar favorável, contra ou neutra em relação à adaptação (Kolmodin e Bijma, 2004; Ghalambor et al., 2007). A presença de interação x genótipo ambiente também pode ser caracterizada como a diferença de plasticidade fenotípica entre os indivíduos (Falconer e Mackay, 1996).

2.3. Interação genótipo x ambiente e níveis de metionina+cistina digestível para codornas de corte

A coturnicultura de corte é um ramo da avicultura industrial brasileira relativamente recente e que se apresenta em rápida expansão. O principal entrave para o crescimento da atividade é a dificuldade em se obter aves com bom potencial produtivo, de forma que o produtor possa disponibilizar no mercado um produto de qualidade superior, à altura da exigência do consumidor. Essa dificuldade se justifica pela carência de codornas geneticamente superiores e da falta de informações de manejo atribuído a esse sistema produtivo.

Na avicultura em geral, a nutrição é responsável pelo maior custo de produção dentro do sistema, motivo pelo qual se tornam fundamentais estudos para determinação de exigências nutricionais das aves, com o objetivo de se reduzirem os custos de formulação das dietas e fornecer ao animal os nutrientes necessários para que expresse seu máximo potencial genético.

As recomendações nutricionais utilizadas para a formulação de dietas em codornas são as do National Research Council – NRC (1994) ou do Instituto Nacional de La Recherché Agronomique – INRA (1999), pouco condizentes com as condições de criação brasileiras, principalmente no que diz respeito às condições climáticas. A aplicação dessas recomendações à produção de codornas europeias, com aptidão para corte, é ainda mais difícil, pois a maior parte das dietas foi formulada para codornas japonesas, que são criadas para produção de ovos (Barreto et al., 2006). As codornas europeias possuem amadurecimento precoce (35 a 42 dias de idade) e necessitam de dietas que maximizem a taxa

de crescimento, aliando-se o desenvolvimento corporal à maturidade sexual (Pinto et al., 2003). Portanto, são necessários mais estudos que estabeleçam as exigências nutricionais para a espécie.

Considerando-se o custo atribuído à nutrição na avicultura industrial e a importância em se atender às exigências nutricionais para que os animais expressem seu máximo potencial genético surgiu o conceito de proteína ideal, que pode ser definida como uma mistura de aminoácidos ou proteína cuja composição atenda às exigências dos animais para os processos de manutenção e crescimento (Emmert e Baker, 1997). A aplicação desse conceito permite a otimização das dietas dos animais, garantindo que as exigências em proteínas e aminoácidos sejam cumpridas sem que haja excesso no fornecimento, com isso a dieta passa a ter menor custo e a excreção de nitrogênio é reduzida.

A formulação de dietas com base no conceito de proteína ideal tornou-se possível a partir da fabricação de aminoácidos sintéticos, que possibilitou a redução dos teores de proteína da dieta mantendo-se os níveis de aminoácidos. Atualmente, são fabricados cinco aminoácidos sintéticos para a utilização na alimentação animal, sendo eles: DL-Metionina, L-Lisina, L-Treonina, L-triptofano e L-Valina.

A aplicabilidade desse conceito é restrita, uma vez que alguns aminoácidos possuem elevado custo e por muitas vezes ser difícil determinar a composição dos alimentos utilizados para a formulação da dieta. Por esse motivo, pesquisadores têm utilizado esse conceito para formular dietas apenas no que diz respeito aos principais aminoácidos essenciais (lisina, metionina + cistina, treonina e triptofano, para aves). A cistina e a metionina são aminoácidos fisiologicamente essenciais, necessários para manutenção, crescimento e adequado desenvolvimento das penas (Pinto et al., 2003), além disso, a metionina é o primeiro aminoácido limitante em aves.

Estudos que visem a detectar interação genótipo x ambiente possuem importância para formulação de dietas adequadas aos diferentes grupos genéticos uma vez que diferentes grupos podem apresentar diferentes exigências nutricionais. Ao não se considerar a presença de interação genótipo x ambiente, principalmente nos núcleos de melhoramento genético, o fenótipo observado nas aves pode não corresponder ao seu potencial genético.

3. MODELOS DE NORMA DE REAÇÃO PARA O ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CODORNAS DE CORTE

3.1. Introdução

No delineamento de programas de melhoramento genético, visando a obtenção de ganho genético por meio da seleção artificial, assume-se geralmente que o genótipo do indivíduo irá se expressar uniformemente independente do ambiente em que ele e sua progênie forem criados. Entretanto, as características quantitativas apresentam plasticidade fenotípica, ou sensibilidade ambiental, de tal modo que o fenótipo médio de uma população muda se houver mudança nas condições ambientais para a qual se encontra exposta (Morgante et al., 2015).

A interação genótipo x ambiente ocorre quando os genótipos apresentam respostas diferenciadas às variações do ambiente e pode levar a mudanças tanto nos fenótipos quanto na magnitude das variâncias genética aditiva e residual (Calus et al., 2004; Mattar et al., 2011; Miranda et al., 2016). A identificação dessa interação pode ser feita por meio do ajuste de modelos de norma de reação e a quantificação da sensibilidade às variações ambientais é dada pela variância do coeficiente angular da norma de reação. Assume-se assim, que a regressão que expressa a sensibilidade média deve ser linear (Falconer, 1990). Entretanto, a premissa dessa linearidade no estudo da sensibilidade dos genótipos às variações ambientais ao longo do tempo ou espaço significa aplicar restrições que impedem a avaliação do comportamento

da característica medida nos diferentes ambientes, ou seja, a capacidade de determinado genótipo evoluir em diferentes ambientes (Gavrilets e Scheiner, 1993).

A evolução das características é obtida por seleção e leva a mudanças das frequências alélicas nas populações. Para que ela ocorra é necessário que haja variação para característica em estudo e que esta se dê, em partes, por fatores genéticos aditivos (Ghalambor et al., 2007). Em programas de melhoramento genético essa evolução pode ser observada por meio do ganho genético. O resultado da evolução da característica ao longo do gradiente ambiental dependerá do quanto um genótipo é capaz de expressar diferentes fenótipos em diferentes ambientes, ou seja, o quanto e de que maneira a forma da norma de reação irá se alterar ao longo deste gradiente ambiental (Gavrilets e Scheiner, 1993). Dessa forma, objetivou-se utilizar modelos de norma de reação para o estudo da interação genótipo x ambiente em codornas de corte na fase final de crescimento criadas sob diferentes níveis de metionina+cistina digestível.

3.2. Material e Métodos

Os registros de ganho de peso utilizados no presente estudo foram provenientes de codornas de corte de duas linhagens, EV1 e EV2, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas de Corte da Escola de Veterinária da UFMG. O experimento foi aprovado pelo protocolo 108/2013 do comitê de ética de uso de animais (CEUA). As codornas foram criadas no Setor de Coturnicultura da Fazenda Experimental Professor Hélio Barbosa, localizada na cidade de Igarapé – MG, entre os meses de julho e setembro de 2015.

Foram formadas famílias de meio-irmãos a partir do acasalamento entre 65 machos e 97 fêmeas da linhagem EV1 e entre 73 machos e 115 fêmeas da linhagem EV2, utilizando um esquema de acasalamento de duas fêmeas para cada macho, aproximadamente.

Após o nascimento, as codornas foram identificadas com anilhas, pesadas e tiveram as informações de pai e mãe registradas. As famílias de cada linhagem foram distribuídas em 10 boxes de alvenaria com dimensões de 1,20m de largura x 1,50m de comprimento x 25cm de altura, forrados com maravalha e equipados com campânulas de aquecimento que permaneceram ligadas durante 24 horas por dia até que aves completaram 21 dias de idade. A partir do 22º dia as campânulas foram desligadas e as aves permaneceram sob iluminação natural. A distribuição foi feita de forma que filhos de um mesmo reprodutor estivessem distribuídos ao longo dos boxes, respeitando uma densidade média de 28 codornas/m² linhagem EV1 e 35 codornas/m² na linhagem EV2. As aves receberam ração e água a vontade durante todo o período experimental. Até os 14 dias de vida os boxes foram equipados com comedouros tipo prato e bebedouros tipo copo de pressão. Após esta idade foi realizada a substituição por comedouros tubular e bebedouro pendular, respeitando o crescimento das aves.

O período de crescimento das codornas foi dividido em fase inicial, do nascimento aos 21 dias de idade, e fase final, dos 22 aos 35 dias de idade. As aves foram pesadas ao nascer e semanalmente dos 21 aos 35 dias de vida. A sexagem foi realizada aos 28 dias de vida, idade em que a diferenciação do empenamento entre machos e fêmeas já está consolidada. Do nascimento aos 21 dias de idade as codornas foram alimentadas com dieta padrão de crescimento contendo 25% de proteína bruta e 2.900kcal de energia metabolizável (Anexo A). A partir do 22º dia de idade, que correspondeu ao início do período experimental propriamente dito, diferentes dietas experimentais foram fornecidas para cada unidade experimental, de forma a criar um gradiente ambiental. Foram utilizados cinco níveis de

metionina+cistina digestível aparente (0,60; 0,70; 0,80; 0,90 e 1,00%) para a linhagem EV1, e 0,61; 0,71; 0,81; 0,91 e 1,01% de metionina+cistina digestível aparente para a linhagem EV2 (Anexo B). As dietas experimentais foram formuladas de acordo com as informações nutricionais de composição de ingredientes apresentadas por Rostagno et al. (2011) e as exigências nutricionais atendidas de acordo com o NRC (National Research Council, 1994), exceto para lisina digestível determinado por Ferreira (2015) e metionina+cistina digestível (objeto deste estudo). Os valores de digestibilidade aparente utilizados para os níveis do aminoácido estudado foram determinados em ensaio de digestibilidade ileal com codornas de corte das linhagens EV1 e EV2 realizado por Ferreira (2015).

Na edição do banco de dados de cada linhagem foram considerados dados de codornas que tinham registro de pai, mãe, sexo e peso aos 21 e aos 35 dias de vida. O ganho de peso na segunda fase de crescimento foi calculado pela diferença entre o peso aos 35 dias e o peso aos 21 dias de idade. Os bancos de dados foram constituídos por 522 e 632 informações de ganho de peso de codornas das linhagens EV1 e EV2, respectivamente. O pedigree foi formado por sete gerações de codornas de cada linhagem, selecionadas para característica peso aos 35 dias. A matriz de parentesco da linhagem EV1 foi composta por 2.230 animais e da linhagem EV2 por 4.164 animais. A estrutura do banco de dados pode ser observada na Tabela 3.1.

Tabela 3.1. Número de animais com dados (N), média de ganho de peso (g) (\bar{X}) e desvio padrão (SD) na segunda fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2 de acordo com os níveis de metionina+cistina digestível aparente estudados para as codornas criadas em cada nível

Níveis	Linhagem EV1			Linhagem EV2			
	N	\bar{X}	SD	Níveis	N	\bar{X}	SD
0,60%	102	95,34	16,81	0,61%	145	91,83	21,28
0,70%	114	91,68	16,86	0,71%	147	82,60	15,16
0,80%	93	109,89	14,18	0,81%	126	101,31	16,40
0,90%	107	97,76	15,01	0,91%	105	101,28	26,43
1,00%	106	103,43	14,88	1,01%	108	101,81	15,50

O ganho de peso na segunda fase de crescimento foi analisado utilizando-se o modelo animal unicaracterístico de regressão aleatória, considerando sexo como efeito fixo e como efeitos aleatórios os efeitos genéticos aditivos diretos e residual. Polinômios ortogonais de Legendre (PL) foram utilizados para modelar as trajetórias médias e os efeitos aleatórios genéticos aditivos.

O modelo pode ser descrito como:

$$y_{ijk} = s_i + \sum_{l=0}^{K_b} \varphi_l(N_j^*)b_l + \sum_{m=0}^{K_a} \varphi_m(N_j^*)a_{k_m} + e_{ijk}$$

em que: y_{ijk} , representa o fenótipo da característica; s_i , representa o efeito do sexo i do animal k ; N_j^* , representa o nível de metionina+cistina digestível j padronizado no intervalo de -1 a 1; φ_l , representa o PL l para o nível de metionina+cistina digestível j utilizado para ajustar a trajetórias média; φ_m , representa o PL m para o nível de metionina+cistina digestível j utilizado para ajustar o efeito aleatório genético aditivo; K_b e K_a , representam os graus dos PL utilizados para modelar a trajetória média e os efeitos genéticos aditivo direto, respectivamente; b_l , é o coeficiente de regressão l , do efeito de metionina+cistina digestível sobre o ganho de peso; a_{k_m} , representa o coeficiente de regressão aleatória genético aditivo do animal k associado ao PL m ; e e_{ijk} , representa o erro associado a cada observação.

Em notação matricial o modelo acima pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Za + e,$$

em que: y , representa o vetor contendo os fenótipos observados; X , é a matriz de incidência para os efeitos fixos; β , é o vetor com soluções para os efeitos fixos; Z , é a matriz de incidência dos coeficientes do PL usado para modelar os efeitos genéticos aditivos; a , é o vetor contendo as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos; e e , um vetor de resíduos associado a cada observação.

As pressuposições assumidas para o modelo de regressão aleatória foram:

$\beta \sim \text{constante}$, $a | A, G_0 \sim N(0, G_0 \otimes A)$ e $e | I, R_0 \sim N(0, R_0)$, em que A , representa a matriz de parentesco; G_0 a matriz de (co)variâncias dos coeficientes da regressão, de ordem

igual a $K_a + 1$, tal que $G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & & & & \\ \sigma_{b_1b_0} & \sigma_{b_1}^2 & & & \\ \sigma_{b_2b_0} & \sigma_{b_2b_1} & \sigma_{b_2}^2 & & \\ \sigma_{b_3b_0} & \sigma_{b_3b_1} & \sigma_{b_3b_2} & \sigma_{b_3}^2 & \\ \sigma_{b_4b_0} & \sigma_{b_4b_1} & \sigma_{b_4b_2} & \sigma_{b_4b_3} & \sigma_{b_4}^2 \end{bmatrix}$, no modelo que considerou

PL de grau 4; N refere-se a distribuição normal; \otimes é o operador produto direto entre matrizes; R_0 é a matriz de variâncias residuais para as características, tal que

$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_0}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_3}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_4}^2 \end{bmatrix}$; e I uma matriz identidade de ordem igual ao número de

observações. Foram assumidas distribuições Wishart invertidas (W^{-1}) para as matrizes de (co)variância dos coeficientes da regressão e residuais, sendo $G_0 \sim W^{-1}(\Sigma_a^2, n_a)$ e

$R_0 \sim W^{-1}(\Sigma_e^2, n_e)$, em que: Σ_a^2 , Σ_e^2 , n_a e n_e representam os hiperparâmetros das

distribuições Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori estão disponíveis em (Sorensen e Gianola, 2002).

As amostras das distribuições condicionais completas dos componentes de covariância foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (Misztal et al., 2015). Para realização das análises da linhagem EV1 foram consideradas cadeias de 880.000 ciclos, com descarte inicial de 80.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 20 ciclos. Para as análises da linhagem EV2 foram consideradas cadeias de 1.800.000 ciclos, com descarte inicial de 200.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 20 ciclos. O tamanho da cadeia utilizada para análise de cada linhagem foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005) do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016), e observando-se a convergência das cadeias definitivas, que foi avaliada por intermédio do critério proposto por Heidelberger & Welch (1983) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

A representação dos modelos de regressão aleatória utilizados foi definida como segue: $LEG_{k_b, k_a, e}$, em que LEG representa o PL; k_b , k_a e e , representam a ordem do PL utilizado para ajustar a trajetória média de crescimento, os efeitos aleatórios genético aditivo e o número de classes de variância residual considerado no modelo, respectivamente.

A comparação dos modelos ajustados foi realizada por meio do critério DIC (Deviance Information Criterion), proposto por Spiegelhalter *et al.* (2002):

$$DIC = 2\bar{D}(\theta) - D(\bar{\theta})$$

em que, $\bar{D}(\theta)$, representa a esperança a posteriori dos desvios Bayesianos, $\bar{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$ e $D(\bar{\theta})$, que indica a qualidade de ajuste do modelo, $D(\bar{\theta}) = -2 \log p(y|\bar{\theta})$. Os modelos

escolhidos foram aqueles que apresentaram menores valores de DIC, uma vez que menores valores estão associados a modelos que apresentam melhor ajuste considerando-se o número de parâmetros estimados. Dessa forma, valores menores de DIC representam modelos que se ajustam bem aos dados e que são menos parametrizados.

A comparação dos modelos teve início com o ajuste da trajetória média, seguida com ajuste do efeito aleatório genético aditivo e, por último, o ajuste das classes de variância residual. Inicialmente, utilizaram-se modelos com PL de grau quatro para modelar o efeito genético aditivo e cinco classes de variância residual, variando a ordem dos PL utilizados para ajustar a trajetória média de um a quatro, com o objetivo de determinar o melhor modelo quanto ao ajuste da trajetória média. Após o ajuste da trajetória média, repetiu-se o procedimento para o efeito genético aditivo, fixou-se o grau do PL utilizado no modelo que forneceu melhor ajuste para trajetória média, variando a ordem do PL utilizado para ajustar o efeito genético aditivo de um a quatro e fixaram-se cinco classes de variância residual. Por último, fez-se o ajuste do número de classes de variância residual, de acordo com o padrão de comportamento das variâncias observadas a posteriori.

Após selecionar o modelo que melhor se ajustou para descrever o ganho de peso de codornas de corte em cada linhagem estudada foram estimados os parâmetros genéticos para os indivíduos criados sob diferentes níveis de metionina+cistina digestível na dieta, como segue:

$$r_{a_j,j'} = \frac{\text{cov}_{a_j,j'}}{\sqrt{\sigma_{a_j}^2 \times \sigma_{a_{j'}}^2}}; h_j^2 = \frac{\sigma_{a_j}^2}{\sigma_{p_j}^2} \text{ e } CV_{a_j} = \frac{\sqrt{\sigma_{a_j}^2}}{X_j},$$

em que: r_a , representa a correlação genética; cov_a , a covariância genética; σ_a^2 , a variância genética aditiva; h^2 , a herdabilidade, CV_a , o coeficiente de variação genético aditivo; σ_p^2 , a

variância fenotípica; \bar{X} , a média de ganho de peso das codornas; e j , o nível de metionina+cistina digestível na dieta em que cada grupo de codornas foi criada.

Os valores genéticos estimados para cada codorna em cada nível de metionina+cistina digestível foram obtidos a partir das matrizes contendo soluções dos coeficientes da regressão e os valores dos PL definidos para cada nível, permitindo estimar o comportamento do valor genético do indivíduo ao longo dos níveis, ou seja, a sensibilidade de cada animal às mudanças do ambiente testado.

3.3. Resultados

Os modelos que melhor explicaram o ganho de peso das codornas das linhagens EV1 e EV2 na segunda fase de desenvolvimento foram distintos, de acordo com o critério de ajustamento DIC, que constam na Tabela 3.2. Para a linhagem EV1, PL de ordem quatro foi necessário para descrever a trajetória das médias de ganho de peso ao longo do gradiente ambiental. Em contrapartida, para a linhagem EV2, PL de ordem um foi suficiente para descrever as médias de ganho de peso ao longo dos níveis de metionina+cistina digestível fornecidos a cada grupo de codornas, indicando que o comportamento das médias de ganho de peso ao longo do gradiente ambiental teve comportamento linear nessa linhagem.

Tabela 3.1. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média de crescimento (K_b), efeitos genéticos aditivos (K_a), número de classes de variância residual (e) e Deviance Information Criterion (DIC), para os modelos de regressão aleatória utilizados na análise de ganho de peso de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2

	Modelo	K_b	K_a	e	DIC
Linhagem EV1	LEG_{145}	2	5	5	3938,76
	LEG_{245}	3	5	5	3752,71
	LEG_{345}	4	5	5	3866,39
	LEG_{415}	5	2	5	4018,98
	LEG_{425}	5	3	5	4164,93
	LEG_{435}	5	4	5	4089,54
	LEG_{441}	5	5	1	4132,58
	LEG_{444}	5	5	4	4003,48
	LEG_{445}	5	5	5	3090,16
Linhagem EV2	LEG_{115}	2	2	5	5574,67
	LEG_{125}	2	3	5	5407,43
	LEG_{135}	2	4	5	5333,39
	LEG_{141}	2	5	1	5301,41
	LEG_{142}	2	5	2	5240,90
	LEG_{143}	2	5	3	5277,23
	LEG_{145}	2	5	5	5225,84
	LEG_{245}	3	5	5	5263,39
	LEG_{345}	4	5	5	5243,26
	LEG_{445}	5	5	5	5356,57

Os modelos com polinômios de quarto grau foram os que melhor descreveram os efeitos genéticos aditivos para ganho de peso das codornas para as duas linhagens, de acordo com os valores de DIC (Tabela 3.2). Os modelos com variância residual heterogênea se ajustaram melhor do que os que consideraram homogeneidade de variância, sendo o modelo com cinco classes de variância residual o que melhor se ajustou nas duas linhagens, segundo o critério proposto para a comparação dos modelos (Tabela 3.2). Dessa forma, o modelo utilizado para descrever o ganho de peso de codornas de corte da linhagem EV1 em função do nível de metionina+cistina digestível fornecido nas dietas foi o com PL de quarto grau para o

ajuste da trajetória média e dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e com cinco classes de variância residual. Por sua vez, o modelo utilizado para descrever a resposta em estudo nas codornas da linhagem EV2 foi o com PL linear para o ajuste da trajetória média, PL de quarto grau para o ajuste dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e com cinco classes de variância residual.

As médias de ganho de peso estimadas pelo modelo selecionado em função do nível de aminoácido fornecido, e as observadas nas codornas criadas recebendo dietas com diferentes níveis de metionina+cistina digestível em cada linhagem podem ser observadas na Figura 3.1. De modo geral, observou-se boa qualidade no ajuste dos valores estimados pelos modelos selecionados às médias de ganho de peso observadas em cada grupo.

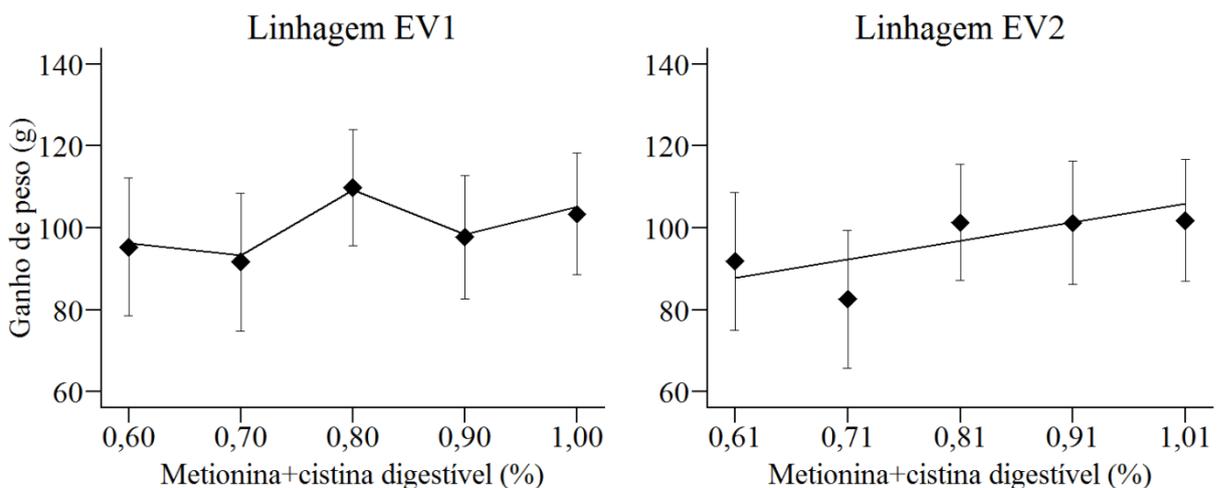


Figura 3.1. Médias observadas (pontos) e estimadas (linhas) do ganho de peso de codornas de corte das duas linhagens, EV1 e EV2, estimadas pelos modelos LEG_{445} e LEG_{145} , respectivamente. Os desvios padrões das médias observadas estão representados pelas barras.

As variâncias, covariâncias e correlações entre os coeficientes da regressão aleatória dos efeitos genéticos aditivos diretos para as linhagens EV1 e EV2 podem ser observadas na Tabela 3.3. O intercepto e o coeficiente linear de cada modelo não são correlacionados, a correlação entre o intercepto e o coeficiente de terceiro grau foi positiva e entre o intercepto e o coeficiente de quarto grau foi negativa para os efeitos genéticos aditivos das duas linhagens.

A correlação entre o intercepto e o coeficiente de segundo grau diferiu entre as linhagens, não diferindo de zero no modelo selecionado para descrever o ganho de peso das codornas da linhagem EV1 e sendo positivo para o modelo selecionado na linhagem EV2 (Tabela 3.3). O comportamento das correlações entre os demais coeficientes das regressões não diferiram para os modelos selecionados para a linhagem EV1 e EV2, sendo negativas entre os coeficientes de primeiro e terceiro grau e entre os coeficientes de segundo e quarto grau para cada modelo e apresentando correlações que não diferiram de zero entre os demais coeficientes (Tabela 3.3).

Tabela 3.2. Variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) dos coeficientes da regressão aleatória¹ dos modelos selecionados para descrever o ganho de peso de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2 em função dos níveis de metionina+cistina digestível das dietas

Linhagem EV1					
	a_0	a_1	a_2	a_3	a_4
a_0	176,18 (87,20;265,50)	0,17 (-0,30;0,59)	0,37 (-0,06;0,84)	0,41 (0,03;0,82)	-0,78 (-0,98;-0,60)
a_1	18,96 (-25,15;63,86)	61,26 (11,60;107,30)	-0,19 (-0,82;0,46)	-0,70 (-0,96;-0,45)	0,03 (-0,54;0,58)
a_2	44,94 (-17,01;106,30)	-15,96 (-63,34;32,03)	88,26 (18,35;150,00)	0,21 (-0,37;0,76)	-0,65 (-0,96;-0,37)
a_3	28,99 (-94,37;60,98)	-30,79 (-56,18;-2,91)	9,73 (-20,91;38,36)	29,16 (10,37;46,68)	-0,25 (-0,74;0,19)
a_4	-85,78 (-136,30;-32,85)	2,95 (-31,58;35,91)	-52,11 (-99,29;-5,26)	-10,38 (-31,03;9,77)	68,00 (27,74;107,60)
Linhagem EV2					
	a_0	a_1	a_2	a_3	a_4
a_0	72,30 (35,95;107,40)	-0,28 (-0,79;0,22)	0,76 (0,59;0,94)	0,55 (0,24;0,87)	-0,74 (-0,92;-0,55)
a_1	-20,33 (-57,50;17,73)	77,59 (19,80;132,70)	0,21 (-0,33;0,82)	-0,71 (-0,98;-0,45)	-0,25 (-0,79;0,24)
a_2	65,73 (21,71;108,90)	21,47 (-35,14;75,95)	101,92 (32,92;171,60)	-0,08 (-0,58;0,36)	-0,86 (-0,98;-0,73)
a_3	31,84 (8,64;54,98)	-43,89 (-76,83;-9,90)	-9,00 (-43,74;25,57)	48,92 (22,17;74,21)	0,00 (-0,42;0,44)
a_4	-63,08 (-102,00;-23,72)	-25,02 (-75,59;26,40)	-87,34 (-144,60;-27,76)	2,36 (-28,31;32,11)	100,31 (41,79;155,90)

¹ a_0 = intercepto; a_1 = coeficiente de primeiro grau; a_2 = coeficiente de segundo grau; a_3 = coeficiente de terceiro grau; a_4 = coeficiente de quarto grau.

As estimativas a posteriori das variâncias genética aditiva, residual e fenotípica do ganho de peso em codornas da linhagem EV1 apresentaram trajetória irregular ao longo do gradiente ambiental (Figura 3.2). Entretanto, não se observou diferença significativa dos valores de variância ao longo dos níveis em consequência dos intervalos de alta densidade. Nessa linhagem, o comportamento da variância fenotípica na linhagem EV1 foi semelhante ao

da variância genética aditiva. Em relação à linhagem EV2, a variância genética aditiva não se alterou de forma significativa ao longo do gradiente ambiental. As variâncias residuais entre os níveis apresentaram, por sua vez, discrepância maior nas estimativas em cada nível. O comportamento da variância fenotípica na linhagem EV2 foi semelhante ao da variância residual (Figura 3.2).

Na Tabela 3.4 constam as estimativas das médias a posteriori das herdabilidade e coeficientes de variação genética aditiva para as codornas criadas em cada nível de metionina+cistina digestível, nas duas linhagens. As herdabilidades variaram de baixas a altas entre os diferentes níveis de metionina+cistina digestível fornecido às codornas. Esses valores, não diferiram entre si para a linhagem EV1. Na linhagem EV2, a herdabilidade para o ganho de peso das codornas criadas com 0,91% de metionina+cistina digestível na dieta foi inferior àquela observada para as codornas criadas com 0,71% de metionina+cistina digestível na dieta. Os demais valores de herdabilidade observados para as codornas da linhagem EV2 ao longo dos níveis não diferiram entre si. Os coeficientes de variação dos valores genéticos aditivos diretos do ganho de peso de codornas de corte não diferiram entre si ao longo dos níveis fornecidos para cada linhagem e apresentaram valores moderados a altos, por refletirem variações fenotípicas superiores a 18%, nas duas linhagens (Iraqi et al., 2014) (Tabela 3.4).

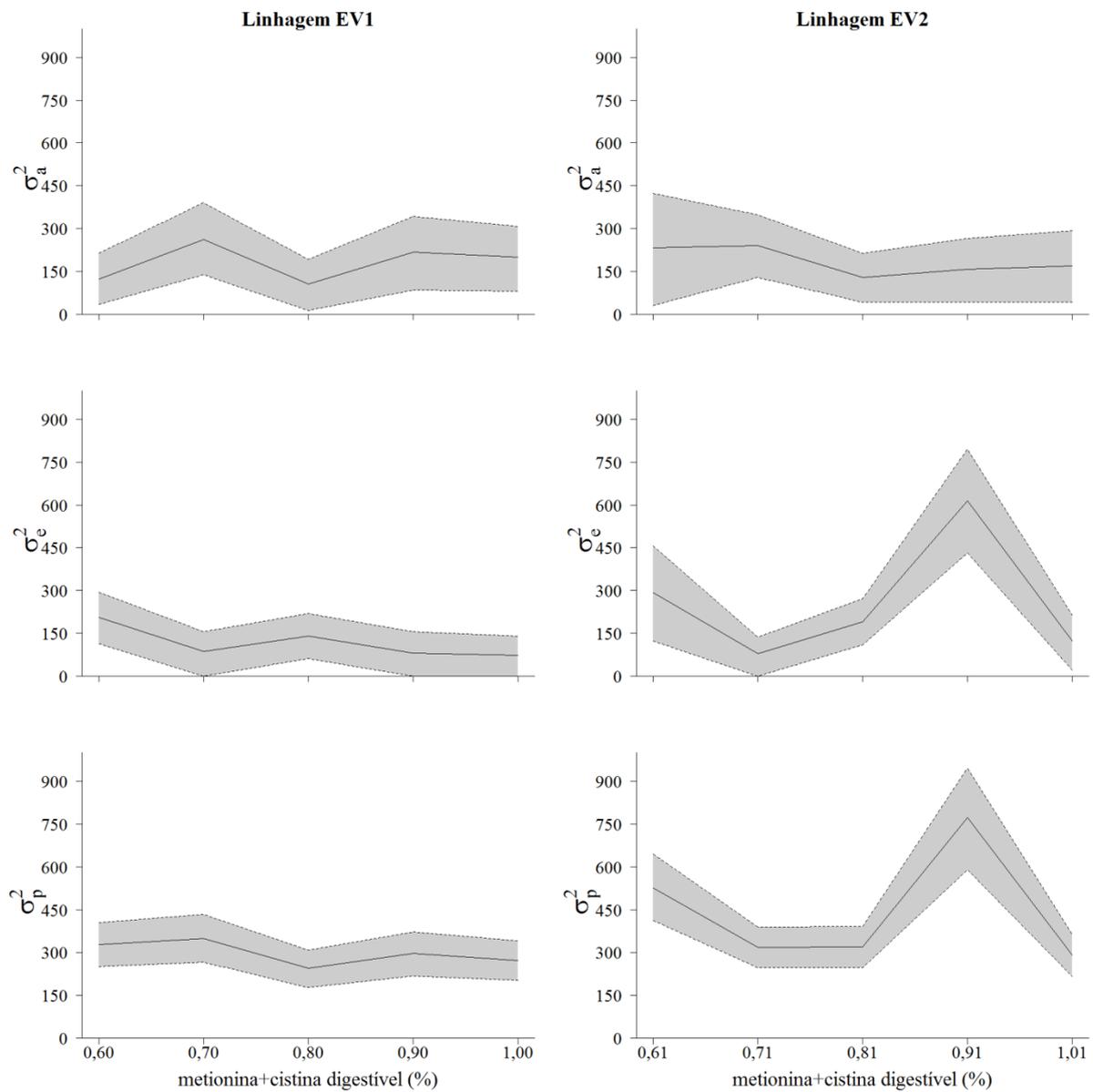


Figura 3.2. Variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2) (traço) e intervalos de alta densidade com 90% de confiança (cinza) do ganho de peso de codornas de corte das duas linhagens, EV1 e EV2, estimados pelos modelos LEG_{445} e LEG_{145} , respectivamente.

Tabela 3.3. Médias a posteriori de herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação aditivo (CV_a) (e intervalos de alta densidade com 90% das amostras) para ganho de peso na segunda fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2, recebendo diferentes níveis de metionina+cistina digestível aparente

Linhagem EV1			Linhagem EV2		
Nível (%)	h^2	CV_a	Nível (%)	h^2	CV_a
0,60	0,37 (0,13;0,62)	0,11 (0,07;0,16)	0,61	0,43 (0,09;0,75)	0,16 (0,08;0,24)
0,70	0,74 (0,53;1,00)	0,17 (0,13;0,22)	0,71	0,75 (0,54;1,00)	0,19 (0,14;0,23)
0,80	0,42 (0,09;0,73)	0,09 (0,05;0,13)	0,81	0,40 (0,15;0,63)	0,11 (0,07;0,15)
0,90	0,72 (0,42;1,00)	0,15 (0,10;0,19)	0,91	0,20 (0,06;0,34)	0,12 (0,07;0,17)
1,00	0,72 (0,45;1,00)	0,13 (0,09;0,18)	1,01	0,56 (0,22;0,92)	0,12 (0,07;0,17)

Em geral, as médias a posteriori das correlações genéticas do ganho de peso observadas entre os níveis de metionina+cistina digestível fornecido às codornas de cada linhagem foram menores que 1,00 (Tabela 3.5). As correlações genéticas do ganho de peso entre as codornas criadas sob diferentes níveis de aminoácido digestível da linhagem EV1 foram em geral iguais a zero, exceto as correlações entre o primeiro e o terceiro e o primeiro e quarto níveis, que foram negativas. Na linhagem EV2, as correlações apresentaram comportamento diferente, variando de correlações altas e negativas a altas e positivas ao longo dos níveis.

Tabela 3.4. Médias a posteriori de correlações genéticas do ganho de peso (e intervalos de alta densidade com 90% das amostras) de codornas de corte na fase final de crescimento das linhagens EV1 e EV2 entre os diferentes níveis de metionina+cistina digestível na dieta¹

	Linhagem EV1			
	0,60	0,70	0,80	0,90
0,70	-0,31 (-0,77;0,13)			
0,80	-0,68 (-0,97;-0,38)	-0,02 (-0,63;0,60)		
0,90	-0,48 (-0,92;-0,03)	0,40 (0,00;0,83)	0,15 (-0,43;0,74)	
1,00	0,34 (-0,12;0,80)	0,35 (-0,07;0,79)	0,03 (-0,56;0,63)	0,22 (-0,30;0,74)
	Linhagem EV2			
	0,61	0,71	0,81	0,91
0,71	-0,19 (-0,74;0,28)			
0,81	0,17 (-0,44;0,74)	-0,14 (-0,59;0,25)		
0,91	-0,28 (-0,85;0,25)	-0,05 (-0,49;0,35)	-0,96 (-1,00;-0,91)	
1,01	0,15 (-0,47;0,75)	0,44 (0,01;0,94)	0,12 (-0,44;0,69)	-0,17 (-0,77;0,38)

¹Linhagem EV1= 0,60; 0,70; 0,80; 0,90 e 1,00% de metionina+cistina digestível aparente; Linhagem EV2= 0,61; 0,71; 0,81; 0,91 e 1,01% de metionina+cistina digestível aparente

As normas de reação do ganho de peso dos dez reprodutores das linhagens EV1 e EV2 que possuíam mais filhos avaliados nos ambientes testados podem ser observadas na Figura 3.3. O valor genético das aves se altera ao longo dos níveis de metionina+cistina digestível, porém não há um comportamento padrão para essas alterações. Há alterações na ordem de classificação dos indivíduos de acordo com o nível de metionina+cistina digestível fornecido.

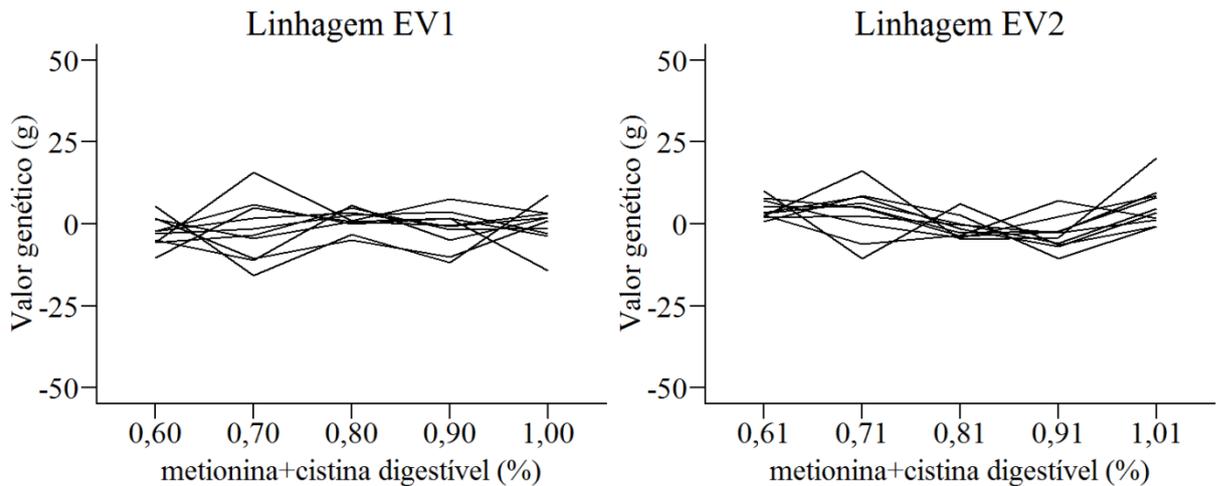


Figura 3.3. Normas de reação dos valores genéticos aditivos do ganho de peso na segunda fase de crescimento dos 10 reprodutores que contribuíram com maior número de filhos no plantel de codornas das linhagens EV1 e EV2.

3.4. Discussão

Diversos trabalhos que utilizam modelos de norma de reação para o estudo da interação genótipo x ambiente em características de interesse econômico e evolutivo em diferentes espécies consideram que a norma de reação é linear, sem testar modelos mais complexos (Mattar et al., 2011; Cardoso e Tempelman, 2012; Mota et al., 2015; Ambrosini et al., 2016; Miranda et al., 2016). Assumir que a norma de reação é linear pode levar à utilização de modelos que apresentam pior ajuste para descrever a variabilidade das características, prejudicando o acompanhamento da evolução da característica em estudo ao longo dos ambientes testados (Gavrilets e Scheiner, 1993).

Modelos com ajuste inadequado levam estimativas menos acuradas dos parâmetros, uma vez que podem apresentar propriedades que não refletem de forma adequada as propriedades do modelo que melhor descreve a característica medida ao longo dos ambientes (Morrissey e Liefting, 2016). Além de se testar modelos mais parametrizados e determinar o de melhor ajuste de acordo com critérios adequados, o aumento da acurácia de predição dos parâmetros genéticos pode ser alterado pelo ajuste dos efeitos fixos incluídos no modelo, uma vez que esses fatores podem levar à correlação entre os fenótipos por fatores não genéticos (Schaeffer, 2004). Esse ajuste nos modelos de regressão aleatória é também conhecido como trajetória média. No presente estudo, o ajuste da trajetória média foi feito por meio de uma regressão fixa que levou em consideração todos os possíveis efeitos não genéticos que poderiam influenciar o fenótipo de um ou mais grupos de codornas (Tabela 3.2). Como em um modelo de regressão aleatória, a curva que descreve os fenótipos observados é representada por uma trajetória média acrescida de um conjunto de coeficientes de regressão aleatória que definem os desvios individuais relacionados aos efeitos genéticos aditivos (Corrales et al., 2015), o ajuste adequado dessa trajetória (Figura 3.1) é fundamental para que os demais efeitos que expliquem variações dos fenótipos sejam estimados de forma adequada.

Investigações da variação fenotípica em populações naturais e domesticadas de plantas e animais são comumente feitas por meio do estudo de componentes de variância (Gupta e Lewontin, 1982). Qualquer tentativa em compreender os fenótipos de indivíduos para características quantitativas em populações sem o conhecimento das normas de reação obtidas por meio de modelos bem ajustados é necessariamente incompleta, uma vez que a análise de variância confunde fatores ambientais e genéticos (Lewontin, 1974). De fato, maior discrepância da variabilidade fenotípica observada ao longo dos níveis de metionina+cistina digestível na dieta pode ser atribuída a variações bruscas nos ambientes testados, como visualizado ao se comparar o comportamento das variâncias genética aditiva, residual e

fenotípica da linhagem EV2 (Figura 3.2). Porém, o comportamento dos fenótipos não pode ser atribuído exclusivamente à heterogeneidade de variância residual, uma vez que alterações das variâncias genéticas também são capazes de influenciar o comportamento dos fenótipos, como observado na linhagem EV1 (Figura 3.2). O comportamento irregular das variâncias genética aditiva, residuais e fenotípicas afeta também, diretamente, o comportamento das herdabilidades (Tabela 3.4).

A medida padrão do potencial de uma população evoluir (sob seleção natural ou artificial) é a herdabilidade (Pigliucci, 2008). Em populações sob seleção artificial, a evolução de determinada característica pode ser observada na forma de ganho genético ao longo das gerações e este é obtido por meio de seleção. Valores moderados a altos de herdabilidade foram encontrados para o ganho de peso nas codornas das duas linhagens (Tabela 3.4), indicando que é possível fazer seleção para a característica em estudo e obter ganhos genéticos, pois essa é uma característica determinada em grande parte por fatores genéticos aditivos. Ainda, como as herdabilidades não se alteram ao longo dos ambientes para cada linhagem, pode-se assumir que todos os grupos criados sob diferentes níveis estão igualmente susceptíveis aos efeitos da interação genótipo x ambiente (Raidan et al., 2015).

Paralelamente, outra medida importante para avaliar o potencial evolutivo de determinada população é o coeficiente de variação aditivo (CV_a) (Houle, 1992). Se avaliados de forma conjunta, a herdabilidade e o CV_a permitem inferir de forma concreta sobre o potencial evolutivo das populações estudadas. A análise conjunta dos valores de coeficiente de variação genética aditiva e herdabilidades indica que há variabilidade genética para o ganho de peso de codornas na segunda fase de crescimento. Dessa forma, a alta variabilidade genética observada para o ganho de peso nas duas linhagens de codornas indica que a seleção utilizando o ganho de peso como critério pode ser realizada com obtenção de ganho genético

ao longo das gerações (Tabela 3.4). Esses valores se tornam ainda mais expressivos se levado em consideração que as aves em estudo pertencem a um plantel previamente selecionado para peso aos 35 dias, que é uma característica correlacionada positivamente com o ganho de peso.

Altos valores de herdabilidade e coeficiente de variação aditivo e que não diferiram entre si ao longo dos níveis não indicam, entretanto, que o ganho genético obtido por geração será o mesmo independente do ambiente de seleção e de criação das aves. Ao contrário, os resultados obtidos no presente estudo indicam que a mudança genética esperada por geração seria distinta em cada ambiente, considerando-se a mesma população de indivíduos selecionados como pais da próxima geração. Na Figura 3.3, pode-se observar que diferentes reprodutores seriam selecionados como superiores em cada ambiente que constituiu o gradiente ambiental, ou seja, houve alteração no ranqueamento dos indivíduos ao longo dos níveis, sugerindo a presença de interação genótipo x ambiente.

A presença de interação genótipo x ambiente também pode ser observada por meio dos valores de correlações genéticas e entre os coeficientes da regressão que foram, em geral, inferiores a 1,0 (Tabelas 3.3 e 3.5) (Falconer, 1990). A presença de interação genótipo x ambiente para características de desempenho em codornas de corte foi observada por Mota *et al.* (2015). Em termos de seleção artificial, a presença de interação indica que o ambiente de seleção deve ser o mesmo que o ambiente de criação das aves, tornando necessário delinear programas de melhoramento genético específicos para cada ambiente de seleção/criação (Mota *et al.*, 2015).

Raidan *et al.* (2015), em estudo realizado com bovinos de corte sugeriram que modificações na intensidade de seleção praticada nos diferentes grupos pode ser um mecanismo de controle dos prejuízos causados pela presença de interação genótipo x ambiente após análises de resposta à seleção direta e indireta, sem que seja necessário

restringir os ambientes de criação e seleção dos animais a um. Entretanto, esse tipo de compensação não poderia ser aplicado a todos os níveis do presente estudo, uma vez que observou-se correlações genéticas iguais a zero entre grupos de codornas criadas em determinados grupos ambientais, nas duas linhagens. A presença de correlações genéticas que não diferem de zero sugere ausência ou redução de resposta correlacionada, ou seja, resposta indireta à seleção, inviabilizando a correção dos prejuízos causados pela interação genótipo x ambiente por meio de modificações da intensidade de seleção praticada nos plantéis.

Os resultados obtidos no presente estudo indicam a importância em se ponderar todos os parâmetros genéticos estimados pelos modelos de norma de reação antes de se considerar a presença de interação genótipo x ambiente como um obstáculo à realização de seleção artificial, levando-se em consideração que, em algumas situações, faz-se necessária a recomendação de programas de seleção específicos para plantéis, restringindo o ambiente e seleção e criação das aves ao mesmo.

3.5. Conclusões

Há interação entre os genótipos das codornas das linhagens EV1 e EV2 e os níveis de metionina+cistina digestível na dieta. Na presença de interação, a utilização de modelos de norma de reação com polinômios de Legendre de ordens elevadas são indicados, uma vez que permitem verificar que o comportamento do ganho de peso em função dos níveis de metionina+cistina digestível não é necessariamente linear.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S. Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de crescimento em bovinos Nelore. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 51, p. 177–186, 2016.
- BARRETO, S. L. DE T.; ARAUJO, S.; UMIJI, R. T.; DONZELE, J. L. ROCHA, T. C.; PINHEIRO, S. R. F.; TEIXEIRA, R. B.; ABREU, F. V. S.; SILVA, R. F. Nutritional requirements of lysine for male European quails from 21 to 49 days old. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 35, p. 750–753, 2006.
- 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.
- CARDOSO, F. F.; TEMPELMAN, R. J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. *Journal of Animal Science*, v. 90, p. 2130–2141, 2012.
- CORRALES, J. D.; MUNILLA, S.; CANTET, R. J. C. Polynomial order selection in random regression models via penalizing adaptively the likelihood. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 132, p. 281–288, 2015.
- DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. *Livestock Production Science*, v. 78, p. 195–214, 2002.
- EMMERT, J. L.; BAKER, D. H. Use of the ideal protein concept for precision formulation of amino acid levels in broiler diets. *The Journal of Applied Poultry Research*, v. 6, p. 462–470, 1997.
- FALCONER, D. S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. *Genetical Research*, v. 56, p. 57–70, 1990.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4.ed. Nova Iorque: Longman, 1996, 464p.
- FERREIRA, F. *Digestibilidade e exigência nutricional de lisina sob o conceito de proteína ideal em dois grupos genéticos de codornas de corte*. 2015. 97 f. Tese de doutorado – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- GARCIA-GONZALEZ, F.; SIMMONS, L. W.; TOMKINS, J. L.; KOTIAHO, J. S. Comparing evolvabilities: common errors surrounding the calculation and use of coefficients of additive genetic variation: comparing evolvabilities. *Evolution*, v. 66, p. 2341–2349, 2012.
- GAVRILETS, S.; SCHEINER, S. M. The genetics of phenotypic plasticity. V. Evolution of reaction norm shape. *Journal of Evolutionary Biology*, v. 6, p. 31–48, 1993.

GHALAMBOR, C. K.; MCKAY, J. K.; CARROLL, S. P.; REZNICK, D. N. Adaptive versus non-adaptive phenotypic plasticity and the potential for contemporary adaptation in new environments. *Functional Ecology*, v. 21, p. 394–407, 2007.

GUPTA, A. P.; LEWONTIN, R. C. A study of reaction norms in natural populations of *Drosophila pseudoobscura*. *Evolution*, v. 36, p. 934–948, 1982.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v. 31, p. 1109–1144, 1983.

HOFFMANN, A. A.; MERILÄ, J. Heritable variation and evolution under favourable and unfavourable conditions. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 14, p. 96–101, 1999.

HOULE, D. Comparing evolvability and variability of quantitative traits. *Genetics*, v. 130, p. 195–204, 1992.

INSTITUTO NACIONAL DE LA RECHERCHÉ AGRONOMIQUE. *Alimentação dos animais monogástricos: suínos, coelhos e aves*. 2ª ed. São Paulo: Roca, 1999, 245p.

IRAQI, F. A.; ATHAMNI, H.; DORMAN, A.; SALYMAH, Y.; TOMLINSON, I.; NASHIF, A.; SHUSTERMAN, A.; WEISS, E.; HOURI-HADDAD, Y.; MOTT, R.; SOLLER, M. Heritability and coefficient of genetic variation analyses of phenotypic traits provide strong basis for high-resolution QTL mapping in the Collaborative Cross mouse genetic reference population. *Mammalian Genome*, v. 25, p. 109–119, 2014.

JANHUNEN, M.; KOSKELA, J.; NINH, N. H.; VEHVILAINEN, H.; KOSKINEN, H.; NOUSIAINEN, A.; THOA, N. P. Thermal sensitivity of growth indicates heritable variation in 1-year-old rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Genetics Selection Evolution*, v. 48, p.48–94, 2016.

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

LEWONTIN, R. C. Annotation: the analysis of variance and the analysis of causes. *American journal of human genetics*, v. 26, p. 400–411, 1974.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype x environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. *Journal of Animal Science*, v. 89, p. 2349–2355, 2011.

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

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, p. 463–475, 2016.

- MISZTAL, I.; STRABEL, T.; JAMROZIK, J.; MANTYSAARI, E. A.; MEUWISSEN, T. H. E. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. *Journal of Dairy Science*, v. 83, p. 1125–1134, 2000.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. *Manual for BLUPF90 family of programs*. Georgia: Athens: Universidade da Georgia, 2015, 125p.
- MORGANTE, F.; SORENSEN, P.; SORENSEN, D. A.; MALTECCA, C.; MACKAY, T. F. C. Genetic architecture of micro-environmental plasticity in *Drosophila melanogaster*. *Scientific Reports*, v. 5, p. 9785-9795, 2015.
- MORRISSEY, M. B.; LIEFTING, M. Variation in reaction norms: Statistical considerations and biological interpretation: analysis of reaction norms. *Evolution*, v. 70, p. 1944–1959, 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×dietary (methionine+cystine):Lysine ratio interaction for body weight of meat-type quails using reaction norm models. *Livestock Science*, v. 182, p. 137–144, 2015.
- MOTA, R. R.; TEMPELMAN, R. J.; LOPES, P. S.; AGUILAR, I.; SILVA, F. F.; CARDOSO, F. F. Genotype by environment interaction for tick resistance of Hereford and Braford beef cattle using reaction norm models. *Genetics Selection Evolution*, v. 48, 2016.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL. *Nutrient Requirements of Poultry*. 9^a ed. Washington: National Academy of Sciences, 1994, 155p.
- PIGLIUCCI, M. Is evolvability evolvable? *Nature Reviews Genetics*, v. 9, p. 75–82, 2008.
- PINTO, R.; FERREIRA, A. S.; DONZELE, J. L.; ALBINO, L. F. T. SILVA, M. A.; SOARES, R. T. R. N.; PEREIRA, C. A. Exigência de metionina mais cistina para codornas japonesas em crescimento. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 32, p. 1174–1181, 2003.
- R Core Team. 2017. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.r-project.org/>.
- RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. M. [Practical Markov Chain Monte Carlo]: comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Statistical science*, v. 7, p. 493–497, 1992.
- RAIDAN, F. S. S.; PASSAFARO, T. L.; FRAGOMENI, B. O.; JOSAHKIAN, L. A.; PEREIRA, I. G.; TORAL, F. L. B. Genotype x environment interaction in individual performance and progeny tests in beef cattle. *Journal of animal science*, v. 93, p. 920–933, 2015.
- ROSTAGNO, H.S.; ALBINO, L.F.T.; DONZELE, J.L. et al. *Tabelas Brasileiras para Aves e Suínos: Composição de Alimentos e Exigências Nutricionais*. 3^a edição, Viçosa, MG: UFV, DZO, 2011. 252p.
- SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; MENÉNDEZ-BUXADERA, A.; CARDOSO, F. F.; FERRAZ, J. B. S. Multi-trait linear reaction norm model to describe the

pattern of phenotypic expression of some economic traits in beef cattle across a range of environments. *Journal of Applied Genetics*, v. 56, p. 219–229, 2015.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, v. 86, p. 35–45, 2004.

SMITH, B. J. *Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual*. Iowa: Department of Biostatistics, Universidade de Iowa, 2005, 44p.

SPIEGELHALTER, D. J., BEST, N. G., CARLIN, B. P. A., LINDE, V. D. Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of Royal Statistical Society Series B (Statistical Methodology)*, v. 64, p. 583–639, 2002.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. *Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics*. Springer. 2002. 740 p.

VIA, S.; LANDE, R. Evolution of genetic variability in a spatially heterogeneous environment: effects of genotype x environment interaction. *Genetical research*, v. 49, p. 147–156, 1987.

5. APÊNDICES

Apêndice A. Composição da dieta basal para primeira fase de crescimento de codornas de corte das linhagens EV1 e EV2

		<i>Nível de lisina total (%)</i>
<i>Ingredientes (%)</i>		1,40
Milho		46,94
Farelo de soja		45,49
Amido		2,50
Óleo de soja		1,95
Calcário		1,02
Fosfato bicálcico		1,00
Suplemento	mineral e vitamínico ¹	0,50
Sal comum		0,31
DL-metionina		0,18
L-lisina		-
Treonina		0,10
Valina		-
Isoleucina		-
Arginina		-
Fenilalanina		-
<i>Composição calculada</i>		
Proteína bruta (%)		25,15
Energia metabolizável (kcal/kg)		2900
Cálcio (%)		0,80
Fósforo disponível (%)		0,30
Sódio (%)		0,17
<i>Aminoácidos totais</i>		
Lisina total (%)		1,40
Metionina + cistina (%)		0,93
Tryptofano (%)		0,32
Arginina (%)		1,72
Isoleucina (%)		1,11
Valina (%)		1,19
Fenilalanina (%)		1,23
Treonina (%)		1,09

Composição por quilo de produto: 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; ferro-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.

¹exigência definida em ensaio anterior por Ferreira (2015)

Apêndice B. Composição percentual e calculada das dietas experimentais de codornas de corte do período do final de crescimento das duas linhagens de codornas de corte, EV1 e EV2

	EV1	EV2
<i>Ingredientes</i>	%	%
Milho	49,04	49,04
Farelo de soja	43,29	43,29
Calcário	1,200	1,200
Óleo de soja	3,800	3,800
Fosfato bicálcico	0,900	0,900
Amido	0,600	0,600
Suplemento mineral e vitamínico ¹	0,500	0,500
Sal comum	0,380	0,380
L-treonina	0,160	0,160
L-lisina	0,120	0,120
DL-metionina	0,000	0,000
<i>Total</i>		
<i>Composição calculada</i>		
Proteína Bruta (%)	23,68	23,68
Energia Metabolizável (kcal/kg)	3.000	3.000
Cálcio (%)	0,800	0,800
Fósforo disponível (%)	0,300	0,300
Sódio (%)	0,170	0,170
<i>Aminoácidos Totais</i>		
*Lisina digestível (%)	1,35	1,35
Metionina + Cistina (%)	0,72	0,72
<i>Metionina + Cistina digestível aparente</i>	0,60	0,61
(%)		
Triptofano (%)	0,30	0,30
Metionina (%)	0,34	0,34
Arginina (%)	1,64	1,64
Isoleucina (%)	1,06	1,06
Valina (%)	0,00	0,00

Composição por quilo de produto: vit.A – 2.000.000UI; vit D₃ – 375.000UI; vit.E – 3.750mg; vit.k₃- 500mg; vit.B₁- 50mg; 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; ferro-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

*exigência definida em ensaio anterior por Ferreira (2015)