

## Estimação de valores genéticos para codornas europeias em função dos níveis da relação treonina: lisina da dieta: do nascimento aos 21 dias de idade

[*Estimation of breeding values for European quails in function of threonine: lysine ratios of diet: from birth to 21 days of age*]

G.Q. Faria<sup>1</sup>, C.M. Bonafé<sup>1</sup>, K.A.R. Souza<sup>1</sup>, M.A. Silva<sup>2</sup>, L.S. Costa<sup>1</sup>, H.J.D. Lima<sup>3</sup>, F.G. Campos<sup>1</sup>, R.B. Silva<sup>1</sup>, A.A. Silva<sup>1</sup>, G. Tarocô<sup>1</sup>, G.M.F. Rocha<sup>1</sup>, J.A. Miranda<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri - Diamantina, MG

<sup>2</sup>Pesquisador Visitante Nacional Sênior - Capes

<sup>3</sup>Universidade Federal de Mato Grosso - Mato Grosso, MT

### RESUMO

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a sensibilidade dos valores genéticos dos pesos corporais e as características de carcaças de codornas europeias às mudanças do gradiente ambiental (níveis da relação treonina com a lisina das dietas), do nascimento aos 21 dias de idade, por meio de modelos de regressão aleatória com diferentes classes de variância residual. Os dados utilizados neste estudo são provenientes de 915 codornas de corte da linhagem LF1 e 839 da linhagem LF2, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. Foram avaliados os pesos corporais e os rendimentos da carcaça das aves. As sensibilidades dos valores genéticos às mudanças nos níveis da relação treonina:lisina (interação genótipo x ambiente) foram obtidas por modelos de regressão aleatória (utilizando normas de reação) por meio do programa Wombat, que utiliza o princípio da máxima verossimilhança restrita (REML). O modelo de regressão aleatória que considerou duas classes de variância residual foi o mais indicado para a maioria das análises realizadas. Verificaram-se alterações na classificação dos valores genéticos para as duas linhagens de codornas de corte estudadas. Esse comportamento indica sensibilidade de valores genéticos aditivos às mudanças nutricionais, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina:lisina da dieta com a qual as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

Palavras-chave: *Codornas europeias*, sensibilidade de valor genético, heterogeneidade de variância residual

### ABSTRACT

*This research was carried out to evaluate the sensitivity of breeding values of body weight and carcass traits in two lines of European quails (LF1 and LF2) to changes in the environment gradient (levels of threonine: lysine ratio of diets) from hatch to 21 days of age in two lines LF1 and LF2 using Random Regression Models with different classes of residual variance. Records are from 915 quails of line LF1 and 839 of line LF2 belonging to the Breeding Improvement Program of Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. Live body weight and weights and yields of carcass, breast, and thigh and drumstick were measured. The sensitivities of breeding values to changes in threonine: lysine ratios (genotype x environment interaction) of diets were obtained by random regression models (reaction model) using the WOMBAT program using the Restricted Maximum Likelihood principle. Model considering two classes of residual variance showed the best goodness of fit. The Reaction Norms analyses indicated changes in the ranking of breeding values for both lines suggesting quails selected in one level of threonine: lysine ratio will not express all their genetic potential if fed different threonine: lysine ratio diets. This behavior indicates sensitivity of breeding values to changes in the nutrition characterizing the genotype by environment interaction. The prediction of breeding values must be performed using the same level of threonine: lysine ratio in diet the quails will be fed in the production system.*

Keywords: *European quails*, sensitivity of breeding value, residual variance heterogeneity

---

Recebido em 18 de novembro de 2015

Aceito em 9 de junho de 2016

E-mail: gabysqueirozfaria@gmail.com

## INTRODUÇÃO

Várias pesquisas têm buscado informações que possam contribuir para a redução dos custos com a alimentação e dos teores de proteína bruta das dietas, de forma que se minimize o impacto ambiental. A redução no conteúdo de proteína não permite adequado desempenho das aves, sendo necessário observar também as proporções entre os aminoácidos (Felipe *et al.*, 2012).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) têm sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais por admitirem ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo como desvios de uma trajetória média da população, fazendo, assim, com que cada animal tenha uma forma diferente em seus desempenhos genéticos (Mercadante *et al.*, 2002).

No melhoramento genético animal, o conhecimento da interação genótipo x ambiente tem se tornado cada vez mais importante. Nessa perspectiva, a presença da interação genótipo x ambiente pode causar mudança no ordenamento dos valores genéticos dos animais, de modo que aquele que apresenta melhor desempenho em um ambiente pode não apresentar o mesmo potencial em outro ambiente (Felipe *et al.*, 2012).

Dentre as formas de se avaliar a IGA, a norma de reação tem se destacado, sendo ela uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Com isso, cada animal terá um valor genético para cada ambiente, caracterizando e considerando a IGA (Rodrigues, 2012).

Observa-se que pesquisas de características de crescimento de codornas de corte ainda são escassas na literatura, havendo necessidade de novos estudos genéticos, para modelo de norma de reação, com o intuito de avaliar a interação genótipo x ambiente, por meio da expressão das características.

Objetivou-se, no presente estudo, avaliar a sensibilidade dos valores genéticos de pesos corporais e as características de carcaças às mudanças nas relações treonina:lisina das dietas de codornas de corte, do nascimento aos 21 dias, usando modelos de regressão aleatória com diferentes classes de variâncias residuais, a fim de buscar maior precisão do número de parâmetros estimados para obtenção dos componentes de (co)variância.

## MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada com autorização da Comissão de Ética no Uso de Animais da UFVJM, protocolo número 027/2014.

O experimento foi desenvolvido no Setor de Avicultura, do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, localizada em Diamantina-MG.

Foram utilizadas duas linhagens (LF1 e LF2) de codornas de corte (*Coturnix coturnix*) do Programa de Melhoramento de Aves da UFVJM, sendo o total de 1754 aves.

Do nascimento aos 21 dias de idade, as codornas receberam a dieta experimental (os cinco níveis da relação treonina:lisina – Tab. 1); de 22 a 35 dias de idade, foi fornecida dieta única para todos os animais.

As aves foram abatidas aos 35 dias de idade para a avaliação das características de carcaça.

As dietas fornecidas para as aves (Tab. 1) foram balanceadas com base no conteúdo aminoacídico digestível dos alimentos apresentados em Rostagno *et al.* (2005), e segundo as exigências nutricionais recomendadas por Silva e Costa (2009). A fim de assegurar que nenhum aminoácido ficasse deficiente na dieta, foram acrescentados 3% nas exigências de cada aminoácido, exceto lisina digestível e treonina digestível.

Tabela 1. Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte de 1 a 21 dias de idade

Ingredientes (g/kg)	Relação treonina:lisina				
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
	Composição (%)				
Milho moído	48,96	48,96	48,96	48,96	48,96
Farelo de soja (45%)	44,82	44,82	44,82	44,82	44,82
Óleo de soja	1,61	1,61	1,61	1,61	1,61
Calcário	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
Fosfato bicálcico	1,10	1,10	1,10	1,10	1,10
Sal comum	0,38	0,38	0,38	0,38	0,38
Mistura mineral <sup>1</sup>	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Mistura vitamínica <sup>2</sup>	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Cloreto de colina (60%)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Antioxidante <sup>3</sup>	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Cocciostático <sup>4</sup>	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
DL- metionina	0,37	0,37	0,37	0,37	0,37
L- treonina	0,00	0,05	0,12	0,19	0,25
L- isoleucina	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09
L- arginina	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
L- glutâmico	0,30	0,25	0,18	0,11	0,05
Amido	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
Total	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Proteína bruta (%)	24,54	24,54	24,54	24,54	24,54
Cálcio (%)	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32
Sódio (%)	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
Fibra bruta (%)	3,27	3,27	3,27	3,27	3,27
<b>Aminoácidos digestíveis (%)</b>					
Lisina	1,25	1,25	1,25	1,25	1,25
Metionina + cistina	1,02	1,02	1,02	1,02	1,02
Triptofano	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28
Treonina	0,84	0,88	0,95	1,02	1,07
Arginina	1,80	1,80	1,80	1,80	1,80
Isoleucina	1,07	1,07	1,07	1,07	1,07
Valina	1,04	1,04	1,04	1,04	1,04

<sup>1</sup>Composição/kg de produto: manganês: 160g, ferro: 100g, zinco: 100g, cobre: 20g, cobalto: 2g, iodo: 2g. Excipiente q.s.p.: 1000g.

<sup>2</sup>Composição/kg de produto: vit. A: 12.000.000U., vit D<sub>3</sub>: 3.600.000UI, vit. E: 3.500UI, vit B<sub>1</sub>: 2.500mg, vit B<sub>2</sub>: 8.000mg, vit B<sub>6</sub>: 5.000mg, ácido pantotênico: 12.000mg, biotina: 200mg, vit. K: 3.000mg, ácido fólico: 1.500mg, ácido nicotínico: 40.000mg, vit. B<sub>12</sub>: 20.000mg, selênio: 150mg. Veículo q.s.p.: 1.000g.

<sup>3</sup>Butil-hidróxitolueno. <sup>4</sup>Salinomicina 12%.

Dos 22 aos 35 dias de idade, todas as codornas foram alimentadas à vontade, com dieta contendo 26,12% de proteína bruta e 2900kcal EM/kg.

Na modelagem da variância residual, foram consideradas classes de acordo com os níveis de treonina na dieta, sendo que para a variância residual homogênea: CL1 (uma classe) foi considerado o intervalo total de 0,66 a 0,86 de

treonina na dieta. Para as variâncias residuais heterogêneas, foram considerados os intervalos: CL2 (duas classes): 0,66 a 0,70 e 0,71 a 0,86; CL3 (três classes): 0,66 a 0,70, 0,71 a 0,75 e 0,76 a 0,86; CL4 (quatro classes): 0,66 a 0,70, 0,71 a 0,75, 0,76 a 0,80 e 0,81 a 0,86, com o total de quatro diferentes modelos para serem utilizados nas análises dos dados.

O modelo de norma de reação para análise dos dados é representado por:

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

em que:  $y_{hij}$  é a observação da codorna  $h$ , do sexo  $j$ , alimentada com dieta de nível da relação treonina:lisina  $i$ ;  $b_{jk}$  é o coeficiente de regressão fixo  $k$  atribuído ao sexo  $j$ ;  $a_{hk}$  é o coeficiente de regressão aleatória  $k$  de efeito genético aditivo direto atribuído à codorna  $h$ ;  $x_k(i)$  é o polinômio de Legendre  $k$  associado ao nível da relação treonina:lisina  $i$ ; e  $e_{hij}$  é o resíduo associado à observação  $y_{hij}$ , sendo este o único efeito que não foi considerado uma função da relação de treonina:lisina das dietas.

O modelo em notação matricial é descrito como:

$$y = Xb + Za + e$$

em que:  $y$  é o vetor de observações;  $b$  é o vetor com coeficientes de regressão relativos aos efeitos fixos de sexo e da trajetória média de crescimento;  $a$  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  $a$ , e  $e$  é o vetor dos resíduos. Ambas as trajetórias média e aleatória de crescimento foram modeladas por polinômio de Legendre de segunda ordem relativo ao nível da relação treonina:lisina utilizada nas dietas.

Para avaliação do número de classes de variância residual, foi considerado o critério de informação bayesiano (BIC – *Bayesian Information Criterion*), proposto por Schwarz (1978).

$$BIC = -2\log L + p \log(n),$$

em que:  $L$  refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança do modelo ajustado;  $p$  é o número de parâmetros livres a serem estimados;  $n$  é o número de observações ou tamanho da amostra; e  $\log L$ , o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (Wolfinger, 1993). Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham e Anderson, 2004).

Considera-se ainda que:

$$E(y) = XB$$

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

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

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

em que:  $\sigma_{b_0}^2$  e  $\sigma_{b_1}^2$  são componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão constante e linear do efeito genético aditivo direto;  $\sigma_{b_0 b_1}$  é o componente de covariância entre os coeficientes de regressão aleatórios do intercepto e linear do efeito genético aditivo direto;  $\sigma_e^2$  é o componente de variância residual;  $A$  é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright;  $n$  é o número de observações;  $G$  é a matriz de covariância genética aditiva;  $\phi$  é o polinômio de Legendre; e  $I_n$  é a matriz identidade.

Após a obtenção de  $G$ , estimações das variâncias e covariâncias genéticas aditivas diretas, para qualquer nível de treonina ou combinação de níveis de treonina, tornaram-se possíveis e foram obtidas por meio de funções de covariância (Kirkpatrick *et al.*, 1990). A partir dessas funções, obtém-se a estrutura de covariância genética aditiva direta em função do nível de treonina da dieta. Assim, a covariância genética aditiva direta entre os níveis de treonina  $i$  e  $j$ ,

$\sigma_{aij}$  foi obtida por:

$$\sigma_{aij} = Z_i G Z_j'$$

em que:

$$Z_i = [x_0(i) \quad x_1(i)]$$

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

A estimativa da herdabilidade direta em função do nível de treonina da dieta e da classe residual foi feita da seguinte maneira:

$$h_{a_i}^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_e^2}$$

em que:  $i$  representa o nível de treonina da dieta;  $j$  refere-se à classe residual da qual este nível faz parte; e  $h_{a_i}^2$  é a herdabilidade direta para o nível de treonina:lisina  $i$ .

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por meio do programa Meyer (2006), que utiliza o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva, a herdabilidade direta em função dos níveis de treonina da dieta e as classes de variâncias residuais. O critério de convergência adotado foi  $1 \times 10^{-11}$ .

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve efeito da interação entre a relação treonina:lisina para as características estudadas, sugerindo que o melhor desempenho foi estimado para codornas alimentadas com o maior nível da relação treonina:lisina, ou seja, 0,86.

Para a avaliação da interação genótipo x ambiente, o modelo que considerou duas classes de heterogeneidade de variância residual (Tab. 2 e 3) foi mais indicado, exceto para peso aos 14 dias, rendimento da carcaça e rendimento da coxa + sobrecoxa na linhagem LF1. Portanto, adotou-se o modelo com duas classes de variância residual para todas as análises. Menores valores de BIC indicam modelos mais adequados (Burnham e Anderson, 2004).

Tabela 2. Melhores modelos que incluem variância residual pelo critério de informação bayesiano (BIC)

Linhagem	Peso corporal <sup>1</sup>	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC <sup>2</sup>
LF1	P14	4	7	1.957,149
	P21	2	5	2.289,859
	P28	2	5	2.482,929
	P35	2	5	2.697,772
LF2	P14	2	5	1.680,013
	P21	2	5	2.045,733
	P28	2	5	2.192,179
	P35	2	5	2.362,333

<sup>1</sup>P14, P21, P28 e P35= pesos corporais aos 14, 21, 28 e 35 dias de idade, respectivamente.

<sup>2</sup>Critério de informação bayesiano.

Tabela 3. Melhores modelos que incluem variância residual pelo critério de informação bayesiano (BIC)

Linhagem	Característica <sup>1</sup>	Classes de variância residual	Número de parâmetros	BIC <sup>2</sup>
LF1	PPA	2	5	2479,303
	Pcarc	2	5	2377,545
	Rcarc	4	7	980,304
	Ppeito	2	5	1921,157
	Rpeito	2	5	877,643
	Pcsc	2	5	1433,269
	Rcsc	4	7	569,6901
	LF2	PPA	2	5
Pcarc		2	5	2051,045
Rcarc		2	5	890,704
Ppeito		2	5	1649,269
Rpeito		2	5	748,2018
Pcsc		2	5	1227,686
Rcsc		2	5	506,299

<sup>1</sup>PPA = peso pré-abate, Pcarc = peso da carcaça, Rcarc = rendimento da carcaça, Ppeito = peso do peito, Rpeito = rendimento do peito, Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa e Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa.

<sup>2</sup>Critério de informação bayesiano.

Estimação de valores...

Para peso aos 14 dias (LF1 - acima da diagonal principal) e para peso aos 21 dias (LF2 - abaixo da diagonal principal), com base nas recomendações de Robertson (1959), (correlações menores que 0,80), observa-se que ocorre interação genótipo x ambiente (Tab. 4) entre os níveis 0,66 e 0,86 da relação treonina:lisina.

Para peso aos 28 e 35 dias de idade em ambas as linhagens, peso aos 14 dias (LF2) e peso aos 21 dias (LF1), as estimativas de correlações genéticas foram todas maiores que 0,80, indicando que a maioria dos genes que atua em

um nível de treonina atua nos demais (Robertson, 1959).

Para a linhagem LF2, a correlação genética entre os níveis da relação treonina:lisina 0,66 e 0,86 para peso pré-abate é menor que 0,8, indicando interação genótipo x ambiente branda. Para o peso da coxa + sobrecoxa, ocorre interação entre os níveis (0,66 e 0,86), nos quais os valores de correlação genética estimados foram menores que 0,80, e para rendimento da coxa + sobrecoxa, observam-se valores menores que 0,8 na interação entre o nível 0,66 e os demais níveis da relação treonina:lisina (Tab. 4).

Tabela 4. Estimativas das correlações genéticas entre os pesos corporais e os rendimentos de carcaça nos diferentes níveis da relação treonina:lisina para as linhagens LF1 (acima da diagonal) e LF2 (abaixo da diagonal)

Peso corporal aos 14 dias de idade						Peso da carcaça					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,987	0,940	0,848	0,715	0,66	-	1	0,998	0,995	0,992
0,71	0,985	-	0,982	0,921	0,817	0,71	0,998	-	0,999	0,998	0,995
0,76	0,935	0,982	-	0,978	0,911	0,76	0,989	0,997	-	0,999	0,998
0,81	0,851	0,929	0,982	-	0,977	0,81	0,968	0,982	0,994	-	0,999
0,86	0,744	0,849	0,933	0,984	-	0,86	0,921	0,944	0,968	0,989	-
Peso corporal aos 21 dias de idade						Rendimento da carcaça					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,995	0,991	0,66	-	0,999	0,997	0,987	0,958
0,71	0,985	-	0,999	0,998	0,994	0,71	0,986	-	0,999	0,992	0,967
0,76	0,937	0,983	-	0,999	0,997	0,76	0,956	0,991	-	0,997	0,979
0,81	0,856	0,932	0,983	-	0,999	0,81	0,920	0,972	0,995	-	0,991
0,86	0,752	0,854	0,935	0,985	-	0,86	0,884	0,949	0,983	0,997	-
Peso corporal aos 28 dias de idade						Peso do peito					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,999	0,996	0,990	0,981	0,66	-	0,988	0,937	0,836	0,667
0,71	0,999	-	0,999	0,995	0,988	0,71	0,999	-	1	0,908	0,776
0,76	0,996	0,999	-	0,999	0,994	0,76	0,997	0,999	-	0,973	0,885
0,81	0,991	0,996	0,999	-	0,998	0,81	0,993	0,997	0,997	-	0,969
0,86	0,985	0,992	0,996	0,999	-	0,86	0,988	0,993	0,996	0,999	-
Peso corporal aos 35 dias de idade						Rendimento do peito					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,995	0,991	0,66	-	0,997	0,988	0,973	0,952
0,71	0,998	-	0,999	0,998	0,995	0,71	0,984	-	0,997	0,988	0,973
0,76	0,994	0,999	-	0,999	0,998	0,76	0,958	0,994	-	0,997	0,988
0,81	0,987	0,995	0,999	-	0,999	0,81	0,936	0,984	0,997	-	0,997
0,86	0,979	0,989	0,996	0,999	-	0,86	0,917	0,974	0,993	0,999	-
Peso pré-abate						Peso de coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	1	0,998	0,996	0,993	0,66	-	1	0,998	0,994	0,987
0,71	0,990	-	1	0,998	0,996	0,71	0,975	-	0,999	0,997	0,991
0,76	0,951	0,985	-	1	0,998	0,76	0,905	0,977	-	0,999	0,995
0,81	0,870	0,833	0,98	-	1	0,81	0,808	0,918	0,982	-	0,998
0,86	0,746	0,833	0,916	0,977	-	0,86	0,703	0,843	0,938	0,987	-
						Rendimento de coxa + sobrecoxa					
Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86	Níveis da relação treonina:lisina	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,760	0,451	0,273	0,170	0,66	-	0,760	0,451	0,273	0,170
0,71	0,998	-	0,923	0,833	0,770	0,71	0,998	-	0,923	0,833	0,770
0,76	0,992	0,998	-	0,982	0,956	0,76	0,992	0,998	-	0,982	0,956
0,81	0,985	0,995	0,999	-	0,994	0,81	0,985	0,995	0,999	-	0,994
0,86	0,978	0,990	0,997	0,999	-	0,86	0,978	0,990	0,997	0,999	-

Para as duas linhagens (LF1 e LF2), ocorrem interação genótipo x ambiente para as características de peso e rendimento da carcaça e peso e rendimento do peito. As correlações foram altas, maiores que 0,8, assim como para a linhagem LF1 para as características de peso da coxa + sobrecoxa e peso pré-abate.

A correlação entre os coeficientes de regressão aleatória, intercepto ( $b_0$ ) e linear ( $b_1$ ), da LF1 foi positiva para rendimento do peito e rendimento da coxa + sobrecoxa; para a linhagem LF2, houve correlação positiva (entre  $b_0$  e  $b_1$ ) para peso aos 28 dias, peso aos 35 dias, rendimento da carcaça, rendimento do

peito, peso e rendimento da coxa + sobrecoxa (Tab. 5). Todavia, para a linhagem LF1, a correlação foi negativa para peso aos 14, 21, 28, 35 dias de idade, peso pré-abate, peso do peito, peso e rendimento da carcaça e peso de coxa + sobrecoxa. Quanto maior for a diferença da

estimativa da correlação entre  $b_0$  e  $b_1$  em relação ao valor 1, maior será a possibilidade de reordenamento de valores genéticos nos diferentes ambientes (Su et al., 2006).

Tabela 5. Componentes de variância dos coeficientes de regressão aleatórios ( $b_0$  e  $b_1$ ) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis da relação treonina:lisina da dieta e variâncias residuais, estimados para as linhagens LF1 e LF2

LF1						
Característica <sup>1</sup>	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P14	-6,764	105,517	6,167	46,526	39,432	-0,265
P21	-4,811	141,537	0,384	135,250	117,081	-0,653
P28	-4,811	283,219	1,804	147,539	171,640	-0,714
P35	-15,527	596,231	1,314	146,617	232,255	-0,555
PPA	-0,468	439,861	0,528	154,573	257,278	-0,031
Pcarc	-6,397	402,598	0,668	62,678	117,292	-0,390
Rcarc	-1,042	4,177	0,280	4,494	4,643	-0,964
Ppeito	-10,336	104,097	7,608	7,710	31,259	-0,367
Rpeito	0,016	2,043	0,017	3,123	3,108	0,089
Pcsc	-1,765	13,264	0,261	9,128	14,884	-0,949
Rcsc	0,307	0,726	0,198	1,350	1,350	0,811
LF2						
Característica <sup>1</sup>	$\sigma_{b_0b_1}$	$\sigma_{b_0}^2$	$\sigma_{b_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$r_{b_0b_1}$
P14	-0,435	111,462	5,449	30,104	33,127	-0,018
P21	-0,879	176,931	8,347	112,113	131,125	-0,023
P28	2,440	202,346	0,552	112,113	131,125	0,231
P35	14,847	269,995	1,773	333,974	345,953	0,679
PPA	-46,119	543,676	29,303	167,392	192,540	-0,365
Pcarc	-37,796	234,822	8,826	88,816	161,262	-0,830
Rcarc	0,527	3,824	0,143	3,515	6,170	0,713
Ppeito	-3,793	100,349	0,351	37,659	25,969	-0,639
Rpeito	0,274	1,120	0,078	4,734	2,968	0,927
Pcsc	1,238	17,751	1,093	6,445	11,051	0,281
Rcsc	0,138	1,200	0,020	0,681	1,415	0,893

<sup>1</sup>P14= peso aos 14 dias de idade; P21= peso aos 21 dias de idade; P28= peso aos 28 dias; p35= peso aos 35 dias de idade; PPA = peso pré-abate; Pcarc = peso da carcaça; Rcarc = rendimento da carcaça; Ppeito = peso do peito; Rpeito = rendimento do peito; Pcsc = peso da coxa + sobrecoxa; Rcsc = rendimento da coxa + sobrecoxa;  $\sigma_{b_0b_1}$  = variância entre  $b_0$  e  $b_1$ ;  $\sigma_{b_0}^2$  = variância de  $b_0$ ;  $\sigma_{b_1}^2$  = Variância de  $b_1$ ;  $\sigma_{e_1}^2$  = variância residual 1;  $\sigma_{e_2}^2$  = variância residual 2;  $r_{b_0b_1}$  = regressão entre  $b_0$  e  $b_1$ .

Houve modificações na classificação dos valores genéticos aditivos do peso corporal aos 14 dias em função dos níveis de treonina da dieta em ambas as linhagens (Fig. 1). Para peso corporal aos 21 dias de idade (LF2), ocorreram poucas modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos.

Foi observada leve redução de dispersão dos valores genéticos em função do nível da relação treonina:lisina para peso corporal aos 21 dias de idade na linhagem LF1.

Observa-se pequena redução na dispersão dos valores genéticos do peso corporal aos 28 dias na LF1; já para a mesma idade na LF2, não ocorreu alteração na dispersão. Para peso corporal aos 35 dias na LF2, ocorreu pequeno aumento na dispersão dos valores genéticos e na LF1; para a mesma idade não foram observadas modificações na dispersão dos valores genéticos aditivos (Fig. 1).

### Estimação de valores...

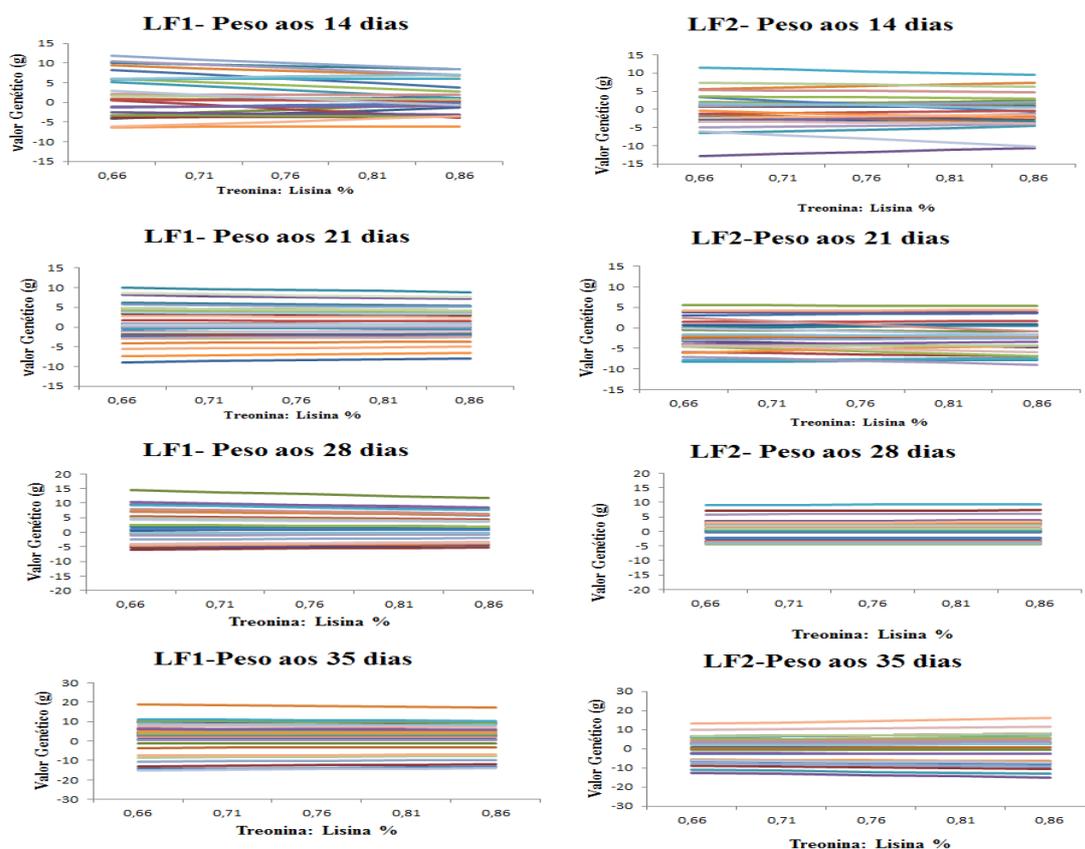


Figura 1. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso corporal aos 14, 21, 28 e 35 dias de idade das linhagens LF1 e LF2.

Na Fig. 2, não foram observadas modificações dos valores genéticos aditivos do peso pré-abate e peso da carcaça na linhagem LF1; não houve alteração na dispersão dos valores genéticos do peso pré-abate na linhagem LF2, mas houve alteração de posição entre os valores genéticos das codornas, o que também caracteriza interação genótipo x ambiente. Para peso da carcaça (LF2) e rendimento da carcaça (LF1), houve redução na dispersão dos valores genéticos; já para rendimento da carcaça (LF2), houve aumento na dispersão dos valores genéticos. Esse comportamento, em ambas as linhagens, indica sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente.

Observa-se leve redução na dispersão dos valores genéticos (Fig. 3) para peso do peito (LF2) e alteração na dispersão dos valores genéticos (LF1). Observa-se aumento na dispersão dos

valores genéticos para rendimento do peito (LF2); para rendimento do peito (LF1), não foi observada variação na dispersão. Houve redução dos valores genéticos do peso da coxa + sobrecoxa da linhagem LF1 e alteração da dispersão na linhagem LF2, o que caracteriza a interação genótipo x ambiente. Para rendimento da coxa + sobrecoxa, nas duas linhagens, ocorreu aumento da dispersão dos valores genéticos com o aumento do nível de treonina, sendo na LF1 um aumento mais intenso que na LF2. Esse comportamento indica sensibilidades de valores genéticos aditivos à mudança do gradiente ambiental, o que caracteriza a existência de interação genótipo x ambiente. Os resultados sugerem que a interação genótipo x ambiente interfere na expressão fenotípica de ambas as linhagens, seja pelo aumento ou redução da dispersão dos valores genéticos, seja pela alteração da classificação dos genótipos selecionados.

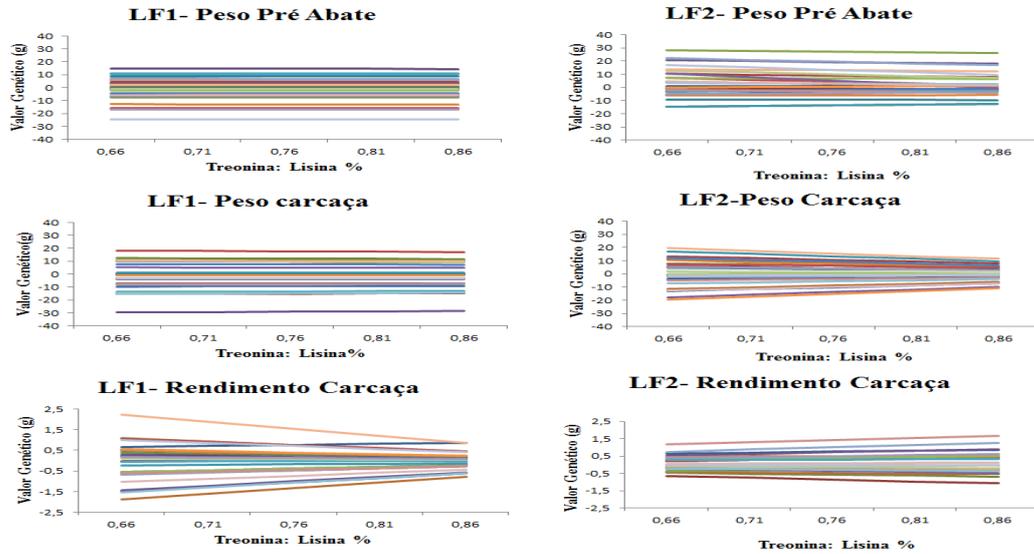
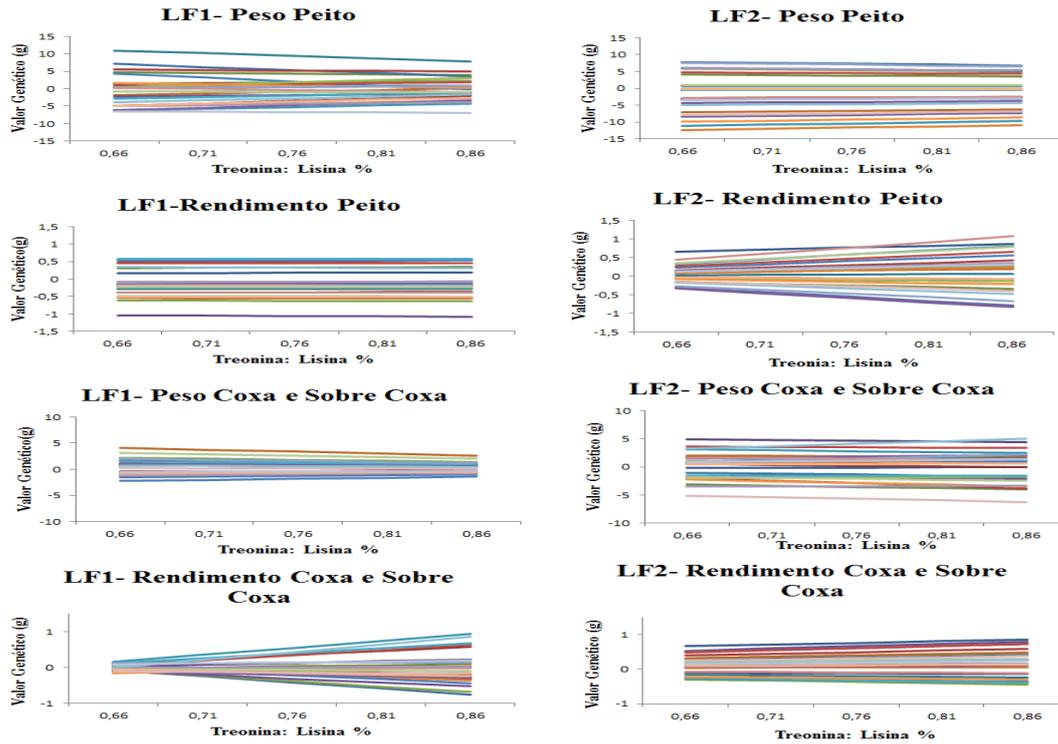


Figura 2. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para peso pré-abate, pesos e rendimentos de carça das linhagens LF1 e LF2.



Fig

ura 3. Normas de reação de valores genéticos aditivos de 25 indivíduos amostrados aleatoriamente para pesos e rendimentos do peito e da coxa + sobrecoxa das linhagens LF1 e LF2.

As herdabilidades estimadas das características avaliadas na LF1 (Tab. 6) apresentaram maiores valores para o menor nível de treonina (0,66), exceto para peso corporal aos 21 dias de idade, o

que indica que ocorre crescimento da porção da variância fenotípica que é atribuída à variância genética aditiva direta em idades menores.

Estimação de valores...

Tabela 6. Estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) para pesos corporais de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina:lisina) da dieta

Linhagem	Característica <sup>1</sup>		Relação treonina:lisina				
			0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
LF1	P14	$h^2$	0,613	0,607	0,572	0,555	0,561
	P21	$h^2$	0,371	0,391	0,377	0,363	0,350
	P28	$h^2$	0,539	0,477	0,452	0,428	0,404
	P35	$h^2$	0,690	0,573	0,562	0,551	0,540
LF2	P14	$h^2$	0,682	0,637	0,627	0,634	0,656
	P21	$h^2$	0,478	0,413	0,403	0,409	0,431
	P28	$h^2$	0,315	0,284	0,288	0,293	0,298
	P35	$h^2$	0,251	0,262	0,281	0,300	0,321

<sup>1</sup>P14 = peso aos 14 dias de idade, P21 = peso aos 21 dias de idade, P28 = peso aos 28 dias de idade, P35 = peso aos 35 dias de idade.

Semelhantemente ao ocorrido na LF1, as herdabilidades das características da linhagem LF2 foram, de maneira geral, maiores para o nível da relação treonina:lisina 0,66, com exceção do peso aos 35 dias de idade. Esse comportamento indica que a seleção seria mais eficiente em níveis de treonina menores. As herdabilidades das características na linhagem LF1 (Tab. 7) para o nível de 0,66 de treonina foram maiores, exceto para as características de rendimento do peito e coxa + sobrecoxa, para as quais as herdabilidades foram maiores para o nível de 0,86 treonina:lisina. Na linhagem LF2,

observam-se maiores herdabilidades na relação treonina:lisina de 0,66, exceto para rendimento da carcaça, peso do peito, rendimento do peito e rendimento da coxa + sobrecoxa. Verifica-se que a seleção para a maioria das características torna-se mais eficiente se praticada em níveis menores da relação treonina:lisina das dietas. As maiores estimativas da herdabilidade, observadas nas menores relação treonina:lisina das dietas, ocorreram em razão de a contribuição do efeito genético ser maior do que a dos efeitos ambientais.

Tabela 7. Estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) para peso pré-abate e características de carcaça de codornas de corte das linhagens LF1 e LF2, segundo as relações (treonina: lisina) da dieta

Linhagem	Característica <sup>1</sup>		Relação treonina:lisina				
			0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
LF1	PABATE	$h^2$	0,589	0,462	0,461	0,461	0,461
	PCARC	$h^2$	0,773	0,638	0,632	0,626	0,620
	RCARC	$h^2$	0,490	0,400	0,310	0,218	0,132
	PPEITO	$h^2$	0,913	0,671	0,625	0,595	0,593
	RPEITO	$h^2$	0,246	0,246	0,247	0,251	0,257
	PCSC	$h^2$	0,525	0,357	0,308	0,259	0,210
	RCSC	$h^2$	0,086	0,112	0,212	0,342	0,469
LF2	PABATE	$h^2$	0,703	0,626	0,585	0,558	0,551
	PCARC	$h^2$	0,688	0,488	0,421	0,353	0,288
	RCARC	$h^2$	0,257	0,196	0,237	0,282	0,330
	PPEITO	$h^2$	0,603	0,674	0,659	0,644	0,630
	RPEITO	$h^2$	0,041	0,106	0,158	0,218	0,279
	PCSC	$h^2$	0,565	0,426	0,445	0,484	0,534
	RCSC	$h^2$	0,364	0,256	0,297	0,339	0,380

<sup>1</sup>PABATE = peso pré-abate; PCARC = peso da carcaça; RCARC = rendimento da carcaça; PPEITO = peso do peito; RPEITO = rendimento do peito; PCSC = peso da coxa+sobrecoxa; RCSC = rendimento da coxa+sobrecoxa.

## CONCLUSÃO

Modelos de regressão aleatória que consideram heterogeneidade de variância residual são melhores do que os que consideram a variância residual homogênea no estudo da sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte alimentadas com dieta contendo diferentes níveis da relação treonina:lisina.

Verificou-se a existência da interação genótipo x ambiente para as duas linhagens de codornas de corte estudadas, seja por reordenamento ou por alteração na dispersão da variância dos valores genéticos. A predição dos valores genéticos deve ser feita com o mesmo nível da relação treonina:lisina da dieta com a qual as codornas serão alimentadas no sistema de produção.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem o apoio financeiro recebido do CNPQ, Capes, Fapemig e Ajinomoto.

## REFERÊNCIAS

- BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimo del inference: understanding AIC and BIC in model selection. *Sociol. Methods Res.*, v.33, p.261-304, 2004.
- FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R. et al. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.64, p.991-1000, 2012.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. et al. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*, v.124, p.979-993, 1990.
- MERCADANTE, M.E.Z.; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G. et al. Dias ao parto de fêmea nelore de um experimento de seleção para o crescimento. II- Modelo de regressão aleatória. *Rev. Bras. Zootec.*, v.31, p.1726-1733, 2002.
- MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. *Proceedings...* Belo Horizonte: WCGALP, 2006. CD-ROM.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, v.15, p.469-485, 1959.
- RODRIGUES, D.T. *Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação*. 2012. 86f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria). Faculdade [Ciências Agrárias], Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- ROSTAGNO, H.S.; ALBINO, L.F.T.; DOZNELE, J.L. et al. *Tabelas brasileiras para suínos e aves: composição de alimentos e exigências nutricionais*. 2.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 186p.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. *Ann. Stat.*, v.6, p.461-464, 1978.
- SILVA, J.H.V.; COSTA, F.G.P. *Tabela para codornas japonesas e européias*. 2.ed. Jaboticabal: FUNEP, 2009. 110p.
- SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. *J. Anim. Sci.*, v.84, p.1651-1657, 2006.
- WOLFINGER, R. Covariance structures selection in general mixed models. *Commun. Stat. Simul. Comput.*, v.22, p.1079-1106, 1993.