



Influência das coletas sistemáticas e parciais na seleção de codornas por meio de curvas de probabilidade de postura

Robson Marcelo Rossi¹, Elias Nunes Martins²

¹ Departamento de Estatística, UEM.

² Departamento de Zootecnia, UEM.

RESUMO - Neste trabalho, objetivou-se verificar se a seleção é influenciada pela observação parcial da postura de ovos em vez da observação da postura diária total. No primeiro estágio de análises, por meio de um modelo bayesiano, consideraram-se como características analisadas os parâmetros da curva de probabilidade de postura em um modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística. No segundo estágio do procedimento, foram obtidas estimativas de componentes de covariância e parâmetros genéticos. Observou-se superestimação dos parâmetros da curva média de produção da amostra total nas coletas sistemáticas (coletadas 1 vez a cada 14 dias, 1 ou 2 vezes a cada 7 dias) e parciais (nos 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias consecutivos). Para o parâmetro que representa o início da postura (α), os valores de herdabilidade foram 0,54; 0,14; 0,12 e 0,07 e, para aquele que representa a evolução da postura (β), 0,36; 0,37; 0,40 e 0,47, respectivamente, nas coletas sistemáticas e total. Nas coletas parciais e total, respectivamente, os valores foram 0,04; 0,03; 0,06; 0,12; 0,17 e 0,25; 0,25; 0,33; 0,33; 0,32; 0,41 e 0,51. Nas coletas sistemáticas, à medida que os valores de herdabilidade para o parâmetro que representa o início da postura decresce, o outro cresce, no entanto, à medida que o tamanho amostral aumenta nas coletas parciais, os valores crescem para ambos os parâmetros. Dos 100 melhores animais classificados de acordo com um índice de seleção ponderado, a correlação entre os escores dos animais selecionados nas subamostras e a amostra total é baixa (entre -0,13 e +0,13) e indica que o índice de seleção utilizado é afetado.

Palavras-chave: análise bayesiana, curvas não-lineares de produção, dados binários correlacionados, parâmetros genéticos, seleção animal

Influence of systematic and partial collections on quail selection through curves of laying probability

ABSTRACT - This study aimed to verify if the selection is influenced by partial observation of laying instead of observation of total daily posture. On the first state of analyses, through a Bayesian model, it was considered as analyzed characteristics the parameters of laying probability curve in a model of random effects with function of logistic connection. On the second stage of the procedure, it was obtained the estimatives of (co)variance components and genetic parameters. It was observed an overestimation of the production mean curve for the total sample in systematic collections (collected once every 14 days, 1 or 2 times every 7 days) and partial (on 15, 30, 45, 60, 75 and 90 consecutive days). For the parameter that represents the beginning of laying (α), the heritability values were 0.54; 0.14; 0.12 and 0.07; and for the parameter that represents the laying evolution (β), they were; 0.36; 0.37; 0.40 and 0.47, respectively, in the systematic and total collections. In partial and total collections, respectively, the values were 0.04; 0.03; 0.06; 0.12; 0.17 and 0.25; 0.25; 0.33; 0.33; 0.32; 0.41 and 0.51. In the systematic collections, as heritability values for the parameters that represent the beginning of laying decreases, the other increases; however, as the sample size increases in partial collections, the values increase for both parameters. Within the top 100 animals classified according to a mediated selection index, the correlation among the scores of selected animals in the sub-samples and the total sample is low (from -0.13 to 0.13) indicating that the used selection index is affected.

Key Words: animal selection, Bayesian analysis, correlated binary data, genetic parameters, nonlinear curves of production

Introdução

É de crucial importância o estabelecimento de programas eficientes no melhoramento animal, amparados com suportes financeiros adequados e maior conscientização dos criadores da necessidade de aumentar a produção e a produtividade. No Brasil, existe uma ampla diversidade de material genético, entretanto, a reprodução indiscriminada desse material sem um esquema de seleção adequado sofre com problemas resultantes da depressão por endogamia (Martins, 2002a).

A correta definição do objetivo e, conseqüentemente, da direção da seleção, é um requisito essencial aos programas de melhoramento genético e, para tal, são necessárias informações a respeito dos parâmetros genéticos e fenotípicos associados às características envolvidas (Resende, 2002). Entre as mais importantes características de produção em codornas está o número de ovos, influenciando diretamente no lucro. A escolha do melhor critério de seleção para a produção de ovos deve levar em consideração três fatores conjuntamente: a idade ao primeiro ovo (maturidade sexual), a taxa e a persistência de postura (Boukila et al., 1987).

Segundo Martins (1982 e 2002b), a seleção baseada na produção total é capaz de gerar maior ganho genético para essa característica. Porém, a utilização da seleção indireta, tomando-se como critério de seleção a produção acumulada durante a fase inicial da postura, pode ser uma alternativa para solucionar problemas de aumento do intervalo de geração, no entanto, animais selecionados nesta idade apresentam menores taxas de postura e fertilidade, implicando em maior esforço para multiplicação do material selecionado. Boukila et al. (1987) citam que observações parciais da produção são vantajosas nesses casos, visto serem menos afetadas pelas variações ambientais.

Santos (2003), ao trabalhar com codornas de postura, analisou produções parciais acumuladas e totais, e observou um aumento do ganho genético na produção total quando a seleção foi praticada com base na produção parcial.

É de grande importância a hipótese de não haver diferenças entre a amostra total (referência) e as coletas sistemáticas e parciais, pois poderia se optar por períodos de coleta menores e menos onerosos principalmente em termos financeiros.

Assim, objetivou-se verificar se o uso de coletas sistemáticas ou parciais de observações influencia a classificação dos candidatos à seleção, quando comparada ao uso da coleta diária total e ao considerar como características analisadas os parâmetros da curva de postura de cada ave.

Material e Métodos

O experimento foi realizado no setor de coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, pertencente à Universidade Estadual de Maringá, Paraná, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007, com a utilização de observações provenientes de 308 codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*) da linhagem amarela (cor da anilha), em desenvolvimento no local desde 2002.

Foram incubados ovos coletados em dois períodos de oito dias, gerando dois grupos de eclosão distintos, possibilitando a identificação da genealogia do pintainho ao nascimento. As aves foram anilhadas e criadas em piso com cama, e receberam ração para crescimento conforme recomendação do NRC (1994).

Aos 28 dias de idade foi realizada a sexagem das aves, e as fêmeas foram divididas em dois grupos de eclosão, de tal forma que cada matriz apresentou filhas em ambos os grupos. Nessa idade, as aves foram alojadas em gaiolas individuais e cada grupo passou a ser alimentado com um dos tipos de ração: com nível preconizado de energia (2.900 kcal/kg de energia metabolizável) e de baixa energia (2.500 kcal/kg de energia metabolizável). O nível de energia e o grupo de eclosão foram considerados como efeitos fixos em um modelo animal.

Os dados de postura foram coletados a partir da primeira postura observada no lote e seguiu-se até o 90º dia de observação. Foi definido que Y_{ij} , o valor observado da postura no dia j , do animal i , em que $j = 1, 2, \dots, J (=90)$ e $i = 1, 2, \dots, n (=308)$.

Dois tipos de coletas foram tomados da observação total de referência (coletas em 90 dias consecutivos), a fim de verificar o comportamento de variáveis de interesse: (1) $p \times$ por meio da coleta sistemática caracterizada como 1×14 : uma coleta a cada 14 dias; 17 : uma coleta a cada 7 dias; 2×7 : duas coletas a cada 7 dias e (2) por meio de coletas parciais aos 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos após o primeiro ovo no lote.

Para cada situação amostral, estimativas bayesianas (média, mediana, desvio-padrão, intervalos de credibilidade e região de alta densidade *a posteriori*) foram obtidas para os parâmetros da curva de postura individual correspondente. As médias *a posteriori* foram consideradas como características observadas em um modelo animal, a fim de se obter estimativas para os parâmetros genéticos.

Para a curva de postura, foi considerado que a probabilidade de postura, q_{ij} , é proveniente da função de probabilidade de Y_{ij} dada por:

$$f(Y_{ij} = y_{ij}) = \theta_{ij}^{y_{ij}} (1 - \theta_{ij})^{1 - y_{ij}} = \begin{cases} \theta_{ij}; & \text{para } y_{ij} = 1 \\ 1 - \theta_{ij}; & \text{para } y_{ij} = 0 \end{cases}$$

Ao considerar uma função de ligação logística, de modo geral, a probabilidade de postura do animal i no dia

t_j , agora θ_{ij} , foi dada por: $\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}$, esse que

$$\logit(\theta_{ij}) = \alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j \quad [1]$$

em que $\alpha_{ij} = \alpha_i$: efeito aleatório do indivíduo i para todas as (j -ésimas) ocasiões; $\beta_{ij} = \beta_i$: coeficientes de regressão do indivíduo i para todas as (j -ésimos) dias.

Biologicamente, os parâmetros α e β representam, respectivamente, o início da postura e a evolução da postura (velocidade de alcance ao pico de postura) da ave.

Para a modelagem bayesiana, foram consideradas distribuições Normais *a priori* para α e β , tal que: $\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$ e $\beta_i \sim N(0, \sigma_\beta^2)$, em que os hiperparâmetros σ_α^2 e σ_β^2 são obtidos por meio da precisão t , ($\sigma = 1/\sqrt{\tau}$), obtida por uma distribuição de probabilidade Gama *a priori* não-informativa: $\tau \sim \text{Gama}(10^{-3}, 10^{-3})$ (valores para caracterizar uma distribuição vaga). Esses valores foram tomados no primeiro estágio por meio do pacote BRugs implementado no programa R (R Development Core Team, 2007) de acordo com o modelo descrito e utilizados no estágio seguinte, em que estimativas dos parâmetros genéticos e residuais, provenientes do modelo animal descrito por Sorensen & Gianola (2002), foram obtidas por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model*) (Van Tassel & Van Vleck, 1996).

Os parâmetros de interesse provenientes do modelo animal:

$$\theta_i = X_i\gamma + Z_i a + e_i \quad [2]$$

em que $i = 1, 2, \dots, n$, foram estimados, simultaneamente, em análises multicaracterísticas: bicaracterística, octacaracterística e dodecaracterística, para estudar a viabilidade do uso das sub-amostragens. X e Z representam as matrizes de incidência dos efeitos de fixos e genéticos, respectivamente; γ , a e e são os vetores dos efeitos fixos, genéticos aditivos e dos erros aleatórios associados a cada observação, respectivamente.

Para o caso bicaracterístico, o vetor de parâmetros da curva de postura, $\theta'_i = [\alpha_i \beta_i]$, foi considerado características no modelo (2) cada subamostra sistemática (coleta em 1×4 , 1×7 e 2×7 dias); cada subamostra parcial (coleta em 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos) e a amostra total (coleta em 90 dias consecutivos).

Os resíduos foram considerados independentes entre indivíduos e normalmente distribuídos, $e_i | R_e \sim N(0, R_e)$, em que R_e = matriz de covariância residual entre as características e $a | A, G_0 \sim N(0, G_0 \otimes A)$, em que G_0 = matriz de covariância genética entre as características e A a matriz de parentesco entre os animais.

Foi assumida, para o parâmetro γ , uma distribuição não-informativa constante *a priori*: $p(\gamma) \propto cte$. Para os componentes de covariância genética aditiva e residual, foram consideradas distribuições *a priori* Wishart invertidas não-informativas.

As densidades condicionais *a posteriori* dos efeitos genéticos gerados foram por meio de distribuições normais multivariadas, definidas pelos elementos da matriz de coeficientes do lado direito das equações de modelos mistos (Henderson, 1973). As densidades condicionais *a posteriori* das matrizes de covariância seguiram a forma de Wishart Invertidas.

Os valores genéticos obtidos (médias *a posteriori*) nas análises bicaracterísticas foram utilizados para calcular um índice de seleção combinado, de acordo com o procedimento descrito a seguir:

O ganho genético (Δ_G) obtido pela seleção direta em uma característica é dado por: $\Delta_G = ih\sigma_a$, em que i = intensidade de seleção; h = raiz quadrada da herdabilidade; e σ_a^2 = desvio-padrão genético aditivo. O ganho genético obtido, caso a seleção seja feita com base em um índice na forma $I = b'\hat{a}$ (em que b' é o vetor de ponderações e \hat{a} o vetor de predições de valores genéticos), foi considerado

como: $\Delta_G = \frac{Gb}{\sqrt{b'Gb}}i$, em que G = matriz de covariância genética para as características envolvidas no índice. A partir disso, decorre que $\Delta_G \propto Gb$ e, assim, o vetor de ponderações b pode ser estabelecido por $b = G^{-1}\Delta_{G_d}$, em que Δ_{G_d} é o ganho genético desejado.

Δ_{G_d} foi assumido como sendo o vetor de ganhos padronizados obtidos em cada característica se a seleção fosse praticada em cada um deles separadamente, como

$$\Delta_{G_d} = \begin{bmatrix} \Delta_{G_\alpha} \\ \Delta_{G_\beta} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} hi\sqrt{\sigma_{a\alpha}^2} \\ hi\sqrt{\sigma_{a\beta}^2} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} ih\sigma_{a\alpha} \\ ih\sigma_{a\beta} \end{bmatrix}.$$

Ao que i é constante no processo de seleção, Δ_{G_d} padronizado é dado por: $\Delta_{G_d} = \begin{bmatrix} h_\alpha \\ h_\beta \end{bmatrix}$. Desta forma, estabeleceu-se um índice de seleção envolvendo os valores genéticos para os parâmetros da curva de postura, α e β , na forma:

$$I = \hat{b}'_\alpha a_\alpha + \hat{b}'_\beta a_\beta \quad [3]$$

O sistema índice de seleção combinado considera, simultaneamente, todos os caracteres de interesse, gerando uma variável adicional (componente principal) que resulta da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes calculados com base nas herdabilidades, valores econômicos relativos e correlações genéticas e fenotípicas

entre os caracteres. Teoricamente, os índices de seleção são mais eficientes que outros sistemas conhecidos na literatura (Resende, 2002; Barwick, 1992).

Cada animal foi classificado de acordo com seu índice, dado por (3), e por meio do método não paramétrico de Spearman (1904), e, em seguida, foi calculado o coeficiente de correlação por postos entre as amostras (sistemática/parcial e total) duas a duas ($r_{s, total}$). Uma taxa de coincidência (C) foi obtida selecionando os 100 melhores animais (maiores índices) em cada subamostra (sistemática e parcial) e comparada à amostra de referência (total), isto é, o percentual de animais cuja classificação não foi alterada. Considerando a coleta em 90 dias completos (referência), uma análise octacaracterística foi utilizada para obter correlações genéticas e fenotípicas e as herdabilidades de modo integral entre as coletas sistemáticas (coletas em 2×7 , 1×7 e 1×14 dias) e a amostra total, assim como uma análise dodecaracterística foi utilizada para obter correlações genéticas e fenotípicas e as herdabilidades de modo integral entre as coletas parciais (coletas em 15, 30, 45, 60, 75 dias consecutivos) e a amostra total (coletas em 90 dias consecutivos).

Para cada análise, estimativas bayesianas dos componentes de covariância genética aditiva e residual (médias *a posteriori* das distribuições marginais condicionais) foram obtidas por meio do sistema computacional MTGSAM (Van Tassel & Van Vleck, 1996), que utilizou o método de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC) para gerar 10.000.000 amostras para os parâmetros. Foram utilizados um descarte inicial de 500.000 iterações e um intervalo de amostragem de 1.000 iterações para eliminar a autocorrelação, obtendo-se 4.000 amostras finais. A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análises gráficas e dos testes diagnósticos de Geweke (1992) e Heidelberger & Welch (1983), disponíveis no pacote CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) (Spiegelhalter et al., 1994), implementado no programa R (R Development Core Team, 2007).

Foram construídos os intervalos com 95% de credibilidade para todos os componentes de covariância e parâmetros genéticos estimados. Por meio das amostras dos componentes de covariância, foram obtidas as estimativas de herdabilidade e das correlações genéticas e fenotípicas entre as coletas menores (sistemáticas e parciais) e a total.

Resultados e Discussão

Nas coletas sistemáticas e parciais menores, houve superestimação dos parâmetros da curva média de produção em relação à da amostra total (Figura 1).

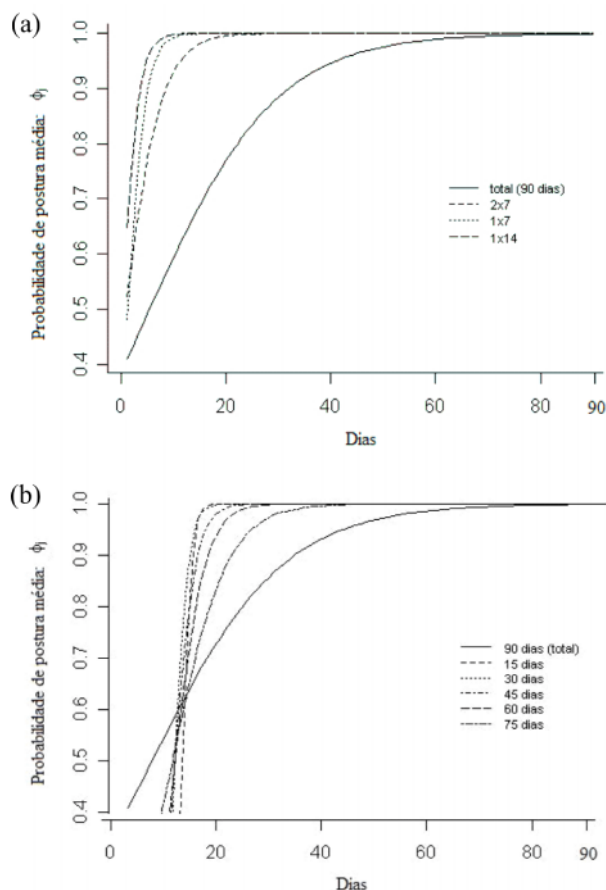


Figura 1 - Curvas de probabilidade de postura média *a posteriori* para a produção de ovos - coletas sistemáticas e total (a), parciais e total (b).

Em processo de amostragem sistemática, desde que haja heterogeneidade dentro e homogeneidade entre os grupos, a estimativa da média é mais precisa que em uma amostra aleatória simples, já que a variância é menor e não-viesada (Levy & Lemeshow, 1991). Neste trabalho, essa suposição talvez tenha sido ignorada e, pelo fato de os grupos serem “semanas” e se por se tratar de experimento animal, foi afetada em determinados períodos, tanto na semana de observação quanto no início e final da postura.

A implementação de métodos que contemplam heterogeneidade de variância tem se baseado na utilização de modelos multicaracterísticos, em que a propriedade que se pretende avaliar é tratada como características distintas em cada classe de heterogeneidade de variância. Esse método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, ponderando adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de covariância entre elas (Weigel & Gianola, 1993; Martins, 2002b; Paula et al., 2009).

Os valores das herdabilidade (Tabelas 1 e 2) para os dois parâmetros da curva de postura que representam o início da postura (α) foram 0,54; 0,26 e 0,31 e, para evolução da postura (β), 0,38; 0,42 e 0,45 nas coletas sistemáticas (1×14 , 1×7 e 2×7 , respectivamente). Analogamente, considerando as coletas parciais e total, para α foram 0,03; 0,02; 0,03; 0,06; 0,12 e 0,18 e, para β , foram 0,24; 0,34; 0,35; 0,35; 0,42 e 0,50 (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias, respectivamente). Como esperado, nas amostras parciais, à medida que o tamanho amostral aumentou, os valores da herdabilidade tenderam a se aproximar do valor-referência, isto é, da amostra total. Entretanto, isso não ocorreu com as amostras sistemáticas.

Nas coletas sistemáticas (1×14 , 1×7 e 2×7), as estimativas de herdabilidade (Tabela 3) para α foram 0,54; 0,14 e 0,12; para β , 0,36; 0,37 e 0,41; e, para o período total, a herdabilidade para α foi de 0,07 e para β foi de 0,47. Nas coletas parciais (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias), as estimativas da herdabilidade (Tabela 4) para α foram 0,04; 0,03; 0,06; 0,12; 0,17 e 0,25; para β , 0,25; 0,25; 0,33; 0,33; 0,32; 0,41 e 0,51. Nas coletas sistemáticas, enquanto os

valores de herdabilidade para o primeiro parâmetro decrescem, o outro cresce à medida que a quantidade amostral aumenta. No entanto, nas coletas parciais, os valores crescem para ambos os parâmetros, isto é, à medida que a informação aumenta, a variância residual aumenta proporcionalmente mais que a variância genética.

Santos et al. (2003), em pesquisa com codornas de postura, considerando análises bicaracterísticas, observaram a característica “produção de ovos” em períodos de coletas parciais e total, respectivamente, 28, 56, 84, 112, 140, 164 e 196 dias de postura, e obtiveram estimativas de herdabilidade, respectivamente, de 0,19; 0,22; 0,16; 0,17; 0,16; 0,16 e 0,16. Observaram aumentos nas estimativas de covariância e correlação genética à medida que as produções parciais se aproximaram da total. Os valores indicaram maior ganho genético indireto por meio da seleção da produção parcial até 164 dias. Todavia, com a redução do intervalo entre gerações, o período encontrado como o mais eficiente no controle de produção de ovos para a obtenção de maior progresso genético por unidade de tempo foi o período de produção parcial até 56 dias.

Tabela 1 - Estimativas *a posteriori* dos componentes genéticos para os parâmetros da curva de postura nas coletas sistemáticas, em análises bicaracterísticas

Parâmetro	Média	Desvio-padrão ¹	Mediana	P _{2,5%}	P _{97,5%}	RAD _{inf}	RAD _{sup}
Coletas 1×14							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,00704	0,00072	0,00700	0,00575	0,00859	0,00565	0,00845
$\sigma_{a\beta}^2$	0,04210	0,00931	0,04106	0,02699	0,06334	0,02528	0,06069
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,00371	0,00145	0,00367	0,00097	0,00671	0,00086	0,00658
h_{α}^2	0,53708	0,02908	0,53716	0,47962	0,59373	0,48006	0,59395
h_{β}^2	0,37550	0,07025	0,37073	0,25284	0,52631	0,24528	0,51536
Coletas 1×7							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,11581	0,03853	0,10997	0,05797	0,20670	0,04955	0,19197
$\sigma_{a\beta}^2$	0,03749	0,00684	0,03687	0,02588	0,05249	0,02496	0,05117
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,01105	0,01076	0,01148	-0,0117	0,0312	-0,0105	0,03217
h_{α}^2	0,26008	0,07929	0,25024	0,13360	0,44114	0,12182	0,42122
h_{β}^2	0,42329	0,06232	0,42057	0,30836	0,55246	0,30698	0,55014
Coletas 2×7							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,29330	0,11824	0,27616	0,11531	0,57255	0,09317	0,52751
$\sigma_{a\beta}^2$	0,02150	0,00327	0,02124	0,01588	0,02863	0,01545	0,02805
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,0024	0,01218	-0,00117	-0,0297	0,01842	-0,0277	0,01987
h_{α}^2	0,30788	0,11194	0,29603	0,12560	0,56045	0,10645	0,52852
h_{β}^2	0,45323	0,05217	0,45211	0,35474	0,55899	0,35310	0,55663

¹Coleta $n \times k$: n coletas a cada k dias; DP: desvio-padrão; P_{2,5%} e P_{97,5%}: limites dos percentis do intervalo de 95% de credibilidade; RAD_{inf} e RAD_{sup}: limites inferior e superior das regiões de alta densidade.

Tabela 2 - Estimativas *a posteriori* dos componentes genéticos para os parâmetros da curva de postura nas coletas parciais, em análises bicaracterísticas

Parâmetro	Média	Desvio-padrão ¹	Mediana	P _{2,5%}	P _{97,5%}	RAD _{inf}	RAD _{sup}
Coletas até 15 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,92196	0,97833	0,60027	0,13593	3,67900	0,06747	2,84348
$\sigma_{a\beta}^2$	0,37288	0,16304	0,34703	0,13528	0,76038	0,10502	0,69494
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,30655	0,26642	0,26148	-0,09676	0,96025	-0,15415	0,88019
h_{α}^2	0,02932	0,03059	0,01912	0,00426	0,11615	0,00204	0,09025
h_{β}^2	0,24164	0,09713	0,22925	0,09053	0,46465	0,07191	0,43033
Coletas até 30 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,40412	0,36816	0,29193	0,09261	1,40467	0,05551	1,09161
$\sigma_{a\beta}^2$	0,09198	0,02334	0,08944	0,05392	0,14406	0,05055	0,13909
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,05038	0,05192	0,04806	-0,05025	0,15988	-0,04973	0,16029
h_{α}^2	0,01902	0,01716	0,01379	0,00434	0,06620	0,00239	0,05097
h_{β}^2	0,33726	0,07451	0,33505	0,20623	0,49590	0,19902	0,48569
Coletas até 45 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,36166	0,31533	0,26459	0,08402	1,22598	0,05271	0,97228
$\sigma_{a\beta}^2$	0,04758	0,00932	0,04676	0,03171	0,06805	0,03014	0,06594
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,01249	0,02869	0,01511	-0,05378	0,06151	-0,04665	0,06666
h_{α}^2	0,03074	0,02645	0,02252	0,00708	0,10421	0,00395	0,08230
h_{β}^2	0,34642	0,05848	0,34347	0,23995	0,46825	0,23389	0,46058
Coletas até 60 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,46333	0,40352	0,33260	0,08729	1,59026	0,04960	1,27438
$\sigma_{a\beta}^2$	0,02876	0,00475	0,02837	0,02065	0,03915	0,02000	0,03819
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,00113	0,02400	0,00351	-0,06248	0,03266	-0,05106	0,03898
h_{α}^2	0,05805	0,04958	0,04198	0,01087	0,19596	0,00604	0,15910
h_{β}^2	0,34952	0,04910	0,34700	0,26017	0,45281	0,25432	0,44609
Coletas até 75 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,51047	0,35614	0,41878	0,09975	1,43008	0,05603	1,21536
$\sigma_{a\beta}^2$	0,01570	0,00211	0,01553	0,01205	0,02030	0,01186	0,02003
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,01056	0,01713	-0,00668	-0,05380	0,01210	-0,04628	0,01558
h_{α}^2	0,11746	0,07929	0,09769	0,02290	0,31841	0,01418	0,27590
h_{β}^2	0,41811	0,04418	0,41640	0,33640	0,50883	0,33250	0,50492
Coletas até 90 dias (total)							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,40967	0,22918	0,36396	0,10492	0,97301	0,07158	0,86266
$\sigma_{a\beta}^2$	0,00892	0,00098	0,00885	0,00718	0,01104	0,00704	0,01085
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,00544	0,00799	-0,00405	-0,02465	0,00619	-0,02184	0,00781
h_{α}^2	0,18211	0,09640	0,16501	0,04741	0,41304	0,03074	0,36901
h_{β}^2	0,49856	0,03477	0,49839	0,43136	0,56686	0,43145	0,56690

¹Coleta do início da postura até *j* dias; *j*: 15, 30, 45, 60, 75 e 90 (total); DP: desvio-padrão; p_{2,5%} e p_{97,5%}: limites dos percentis do intervalo de 95% de credibilidade; RAD_{inf} e RAD_{sup}: limites inferior e superior das regiões de alta densidade.

Não foram observadas grandes diferenças entre as herdabilidades obtidas em análises individuais (bicaracterísticas) e conjuntas (octacaracterísticas e dodecaracterísticas), com exceção da subamostra 1×7 , 2×7 e na amostra total, considerando o parâmetro que representa o início da postura (α). Neste caso, as estimativas obtidas em uma análise em conjunto devem ser escolhidas por incorporar maior número de informação e, conseqüentemente, terem maior precisão em comparação a uma análise individual.

Considerando individualmente os parâmetros α e β , observa-se que as estimativas das correlações fenotípicas obtidas entre as características analisadas foram positivas (Tabelas 3 e 4). A correlação genética positiva entre duas características indica que os genes possuem efeito positivo e afetar positivamente o outro (Milne Jr., 1985).

Considerando as amostras sistemáticas, observou-se que, para o parâmetro, tanto as correlações genéticas quanto as fenotípicas não apresentam tendências fixas em suas magnitudes (Tabela 3), entretanto, as correlações fenotípicas

são decrescentes considerando amostras parciais (Tabela 4). Para o parâmetro β , as correlações genéticas e fenotípicas são sempre decrescentes (Tabelas 3 e 4).

Observou-se magnitudes ligeiramente superiores às correlações genéticas nas amostras parciais e total (Tabela 3), entretanto, em todas as análises (Tabelas 3 e 4), isso não ocorre nas amostras sistemáticas e total considerando o parâmetro α (Tabela 4) e considerando o parâmetro β . Com algumas exceções, as correlações genéticas são inferiores às fenotípicas.

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas aumentam à medida que o tamanho amostral aumenta (amostras sistemáticas e parciais), além de a eficiência da seleção indireta ser sempre menor que a seleção direta (90 dias), isto é, a obtenção de ganhos no período total por meio da seleção em períodos parciais é sempre menor que o ganho obtido se a seleção for realizada no período total. Tal fato se explica por não ser possível reduzir adequadamente o intervalo de geração. No presente trabalho, a postura foi controlada até 90 dias do ciclo total de postura, visto que

Tabela 3 - Médias *a posteriori* da herdabilidade (na diagonal), correlações genética (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) para os parâmetros, nas coletas sistemáticas e total

Coleta	Parâmetros	Coleta							
		1×14		1×7		2×7		90 dias (total)	
		α_1	β_1	α_2	β_2	α_3	β_3	α_4	β_4
1×14	α_1	0,54	0,22	0,14	0,24	0,06	0,19	0,09	0,28
	β_1	0,18	0,36	0,26	0,49	0,34	0,46	0,32	0,32
1×7	α_2	0,09	0,16	0,14	0,15	0,52	0,25	0,45	0,18
	β_2	0,20	0,52	-0,14	0,37	0,18	0,50	0,26	0,27
2×7	α_3	0,05	0,25	0,68	0,14	0,12	0,11	0,68	0,10
	β_3	0,16	0,49	-0,03	0,46	-0,19	0,41	0,11	0,28
90 dias	α_4	0,05	0,23	0,74	0,07	0,89	-0,17	0,07	0,06
	β_4	0,26	0,28	-0,12	0,28	-0,18	0,35	-0,25	0,47

Tabela 4 - Médias *a posteriori* da herdabilidade (na diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para os parâmetros, nas coletas parciais e total

Coleta	Parâmetros	Coleta (dias)											
		15		30		45		60		75		90 (total)	
		α_1	β_1	α_2	β_2	α_3	β_3	α_4	β_4	α_5	β_5	α_6	β_6
15	α_1	0,04	0,37	0,30	0,34	0,02	0,37	0,18	0,26	0,27	0,14	0,40	0,02
	β_1	-0,14	0,25	0,36	0,67	0,42	0,52	0,54	0,35	0,59	0,19	0,68	0,04
30	α_2	0,63	0,24	0,03	0,08	0,15	0,24	0,12	0,22	0,14	0,14	0,24	0,03
	β_2	-0,19	0,52	-0,39	0,33	0,35	0,63	0,47	0,45	0,53	0,25	0,60	0,06
45	α_3	0,50	0,29	0,81	-0,21	0,06	-0,003	0,66	-0,03	0,63	-0,09	0,43	-0,03
	β_3	-0,12	0,38	-0,28	0,67	-0,43	0,33	0,22	0,58	0,28	0,38	0,43	0,16
60	α_4	0,43	0,38	0,70	-0,05	0,85	-0,25	0,12	-0,13	0,72	-0,05	0,56	-0,03
	β_4	-0,09	0,26	-0,24	0,51	-0,38	0,67	-0,46	0,32	0,10	0,50	0,27	0,27
75	α_5	0,36	0,48	0,53	0,19	0,65	0,00	0,81	-0,20	0,17	-0,12	0,75	-0,05
	β_5	-0,05	0,12	-0,13	0,26	-0,23	0,40	-0,31	0,57	-0,37	0,41	0,11	0,42
90	α_6	0,35	0,60	0,43	0,38	0,50	0,23	0,62	0,08	0,82	-0,09	0,25	-0,06
	β_6	-0,06	0,01	-0,08	0,07	-0,11	0,99	-0,14	0,28	-0,18	0,44	-0,18	0,51

a seleção na linhagem estudada é praticada com base na produção parcial com a finalidade de reduzir o intervalo de geração, promovendo, assim, maior ganho genético por unidade de tempo. Desta forma, para inferências além desse período, o modelo ajustado deveria incluir um termo quadrático, visto que a postura entra em declínio no final do período produtivo. O resultado da inclusão de mais um parâmetro provavelmente alteraria os resultados aqui encontrados.

Fica evidente que a correlação, $r_{(s,total)}$ (Tabela 5), entre os escores dos animais selecionados é baixa tanto

para as coletas sistemáticas (1×14 , 1×7 e 2×7) foi de: -0,036; -0,012 e 0,069, enquanto para as coletas parciais (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias) foi de: 0,014; 0,063; -0,018; 0,058 e 0,048. Esses resultados indicam que o índice de seleção utilizado foi afetado, o que se confirma com os valores das taxas de coincidências (C) entre 0 e 3%, considerando os 100 melhores animais e indicando que comprometeu a classificação dos animais e, portanto, o processo de coleta sistemática ou parcial não deve ser utilizado, pois aves selecionadas por subamostragens não serão necessariamente as mesmas daquelas por amostra total.

Tabela 5 - Correlações, $r_{(s,total)}$ e taxas de coincidência ($C\%$) entre índices de seleção obtidas nas coletas sistemáticas, parciais e a total dos 100 melhores animais classificados

	Sistemática			Parcial (dias)				
	1×14	1×7	2×7	15	30	45	60	75
$r_{(s,total)}$	-0,036	-0,012	0,069	0,014	0,063	-0,018	0,058	0,048
C	1%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	2%

Conclusões

O processo de coleta sistemática ou parcial provoca, *a posteriori*, superestimação dos parâmetros da curva média de probabilidade de postura de ovos em codornas nas linhagens analisadas e alteração nas estimativas dos parâmetros genéticos, ocasionando índices de seleção equivocados e, conseqüentemente, diferentes classificações do animal.

Agradecimentos

Ao programa de Pós-graduação do departamento de Zootecnia e ao Departamento de Estatística da Universidade Estadual de Maringá.

Referências

- BARWICK, S. Introducing economics to modern animal breeding. In: HAMMOND, K.; GRASER, H.-U.; Mc DONALD, C.A. (Eds.) **Animal breeding: the modern approach**. Sydney: Post Graduate Foundation in Veterinary Science, 1992. p.121-140.
- BOUKILA, B.; DESMARAIS, M.; PARE J.P. et al. Selection for increased egg production based on annual record in three strains of white leghorns. Comparison of different partial records to improve annual egg production. **Poultry Science**, v.66, p.1077-1084, 1987.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). In: **Bayesian statistics**. 4.ed Oxford: Oxford University Press, 1992. p.169-193.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.
- LEVY, P. S.; LEMESHOW, S. **Sampling of populations – methods and applications**. 2.ed. New York: John Wiley and Sons, 1991. 420p.
- MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, 1., 2002, Lavras. **Proceeding...** Lavras: NECTA-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002a. p.205-208.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variâncias. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002b. p.205-214.
- MILNE JR., C.P. Estimates of heritability of and genetic correlation between two components of honey bee (*Hymenoptera: Apidae*) hygienic behavior: uncapping and removing. **Annals of the Entomological Society of America**, n.78, p.841-844, 1985.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL - NRC. **Nutrient requirements of poultry**. 9.ed.rev. Washington, D.C.: National Academy Press, 1994. 155p.
- PAULA, M.C., MARTINS, E.N.; SILVA, L.O.C. et al. Interação genótipo \times ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.
- R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. Versão 2.07. Disponível em <<http://www.R-project.org>>, 2007. 60p. Acesso em: 7/2/2007.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- SANTOS, A.I.; MARTINS, E.N.; RESENDE, R.O. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de ovos em codornas japonesas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.

- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer, 2002. 740p.
- SPEARMAN, C. General intelligence: objectively determined and measured. **American Journal of Psychology**, v.15, p.201-293, 1904.
- SPIEGELHALTER, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N., LUNN, D. **BUGS - Bayesian Inference using Gibbs Sampling**. MRC Biostatistics Unit, Cambridge, 1994. 60p. Versão 1.14.
- Disponível em <www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/winbugs/manual14.pdf>. Acesso em: 7/2/2007.
- VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D.A. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.