

## MODELAGEM DA VARIÂNCIA RESIDUAL HETEROGÊNEA EM PESOS CORPORAIS DE CODORNAS DE CORTE

**GERMANO, Jerusa Martins<sup>1</sup>; GOTUZZO, Ariane Gonçalves<sup>2</sup>; LACERDA, Viviane<sup>1</sup>; DELLA-FLORA, Raquel<sup>3</sup>; DIONELLO, Nelson José Laurino<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Graduanda em Zootecnia/UFPEL. Email: Jerusa-mg@hotmail.com / vivianelacerda88@hotmail.com

<sup>2</sup> Graduanda em Agronomia/UFPEL. Email: arianegotuzzo@yahoo.com.br

<sup>3</sup> Mestranda do PPGZ/UFPEL. Email: quelpillon@yahoo.com.br

<sup>4</sup> Orientador PPGZ/UFPEL, bolsista de produtividade do CNPq – Projeto 484626/2007-8/CNPq – dionello@ufpel.edu.br

### 1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de codornas de corte têm estabelecido critérios de seleção para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior, geração após geração. Conforme Fernandes et al. (2002), a realização de melhoramento genético é de extrema importância em uma população, ao longo dos anos, paralelamente à evolução fenotípica, pois o progresso fenotípico de uma população tende a alcançar um limite e isso ocorre quando o animal está respondendo dentro de sua capacidade genética máxima, às melhorias ambientais adotadas. A partir desse ponto, se não houver progresso genético, não ocorre progresso fenotípico. Segundo Costa et al. (2005), os estudos com modelos de regressão aleatória têm recebido uma atenção considerável nos países com programas de seleção bem estruturados. A perspectiva de uso de maior número de informações pode ser uma alternativa interessante, pelo potencial de maior precisão nas estimativas de valor genético e correspondente progresso genético pela seleção. Na consideração da inclusão de variâncias heterogêneas na modelagem utilizada, Bonafé et al. (2008) concluíram por este uso para modelar variâncias associadas à curva de crescimento de codornas de corte. Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi obter as estimativas de parâmetros genéticos para pesos corporais, considerando-se variâncias residuais homogêneas e heterogêneas, respectivamente, após sete gerações de seleção em codornas de corte.

### 2 METODOLOGIA (MATERIAL E MÉTODOS)

Foram avaliadas codornas de corte originárias de uma linhagem desenvolvida pelo Departamento de Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, cedidas como ovos férteis com *pedigree*, incubados no Laboratório de Ensino e Experimentação Zootécnica do Departamento de Zootecnia Dr. Renato Rodrigues Peixoto/FAEM/UFPEL. Para a formação de cada geração foi observado período de coleta de ovos de treze dias, em que diariamente os ovos eram identificados com o número da mãe em cada ovo produzido. Todas as aves foram pesadas individualmente a partir do dia do nascimento e aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias.

Os valores genéticos para fins de seleção foram preditos a partir destes componentes de variância, utilizando um modelo misto,  $y = Xb + Za + Zp + e$ , em que,  $y$  = vetor de observações de características medidas nos indivíduos,  $X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos,  $b$  = vetor de efeitos fixos,  $Z$  = matriz diagonal de incidência dos valores genéticos,  $a$  e  $p$  = vetores de valores genéticos e permanente e  $e$  =

vetor de efeito residual, utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2006). Foram testados seis modelos considerando-se em um a variância residual homogênea (M1) e nos outros cinco, variâncias residuais heterogêneas, que contemplaram respectivamente, períodos de 1-7 e 8-42 dias (M2); 1-7, 8-14 e 15-42 dias (M3); 1-7, 8-14, 15-21 e 22-42 dias (M4); 1-7, 8-14, 15-21, 22-28 e 29-42 dias (M5) e 1-7, 8-14, 15-21, 22-28, 29-35 e 36-42 dias (M6). Na comparação entre os modelos observou-se o comportamento no  $\text{Log}_e L$  pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) ao nível de 1% de probabilidade, bem como, o Critério de informação de Akaike (AIC) e o Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC). Utilizou-se o teste de razão de verossimilhança (LRT) para verificar a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita obtidos nos modelos. A diferença entre os valores de  $2 \log_e L$  dos modelos fornece informação se os modelos diferem significativamente entre si. O teste baseia-se na distribuição de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com  $g$  graus de liberdade e probabilidade de erro de 5%, em que  $g$  é a diferença em números de parâmetros estimados nos modelos comparados (Dobson, 1990).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na comparação entre modelos (Tab. 1) pode-se observar que apesar da parametrização que ocorre ao se ajustar a variância residual heterogênea, a partir do M2 já houve diferença significativa ( $P < 0,01$ ) para o modelo em que se usou a variância residual homogênea e que se mostrou inadequado. Mudanças nos valores do  $\text{Log}_e L$ , AIC e BIC, significativas ( $P < 0,01$ ) pelo LRT, ocorreram até o M6, sugerindo que este modelo que foi trabalhado com variância residual heterogênea em períodos semanais seria o de melhor ajuste. Variação decrescente dos valores de AIC e BIC foi observada por Bonafé et al. (2008) testando modelos de regressão aleatória com variâncias residuais homo e heterogêneas em pesos corporais de codornas de corte e Szwaczkowski et al. (2006) ao utilizarem diversos modelos sob variância residual homogênea para produção de ovos em galinhas.

Tabela 1. Número de parâmetros (NP) e logaritmo da função de máxima verossimilhança (LRT) estimados para modelos com homo e heterogeneidade da variância residual para pesos corporais em codornas de corte até a sétima geração

Modelo*	NP	$\text{Log}_e L$	AIC	BIC	LRT**
M1	13	-78545,03	-78558,09	-78611,37	(M2-M1) 3171,64**
M2	14	-72343,21	-72357,21	-72414,65	(M3-M2) 880,20**
M3	15	-71903,11	-71918,11	-71979,65	(M4-M3) 275,22**
M4	16	-71765,50	-71781,50	-71847,15	(M5-M4) 19,5**
M5	17	-71755,75	-71772,75	-71842,50	(M6-M5) 214,86**
M6	18	-71448,32	-71466,32	-71540,18	

\*M1 – variância residual homogênea; M2, M3, M4, M5 e M6; variâncias residuais heterogêneas;

AIC - Critério de informação de Akaike e BIC - Critério de Informação Bayesiano de Schwarz;

\*\*  $P < 0,01$

Tabela 2. Variâncias de efeitos genéticos aditivos e permanentes, e herdabilidades para pesos corporais em codornas de corte considerando variâncias residuais homogêneas e heterogêneas, modelo M6, até a sétima geração

Hom	PC1	PC7	PC14	PC21	PC28	PC35	PC42
$\sigma_a^2$	0,80	16,99	72,00	132,85	189,13	255,56	372,06
$\sigma_c^2$	2,47	36,06	152,23	270,58	369,98	495,19	756,93
$\sigma_p^2$	56,28	106,06	277,23	456,44	612,11	803,75	1181,99
$c^2$	0,04±0,03	0,34±0,02	0,55±0,02	0,59±0,03	0,60±0,03	0,62±0,03	0,64±0,03
$h_a^2$	0,01±0,01	0,16±0,02	0,26±0,03	0,29±0,03	0,31±0,03	0,32±0,03	0,32±0,03
Het	PC1	PC7	PC14	PC21	PC28	PC35	PC42
$\sigma_a^2$	0,49	28,71	91,97	151,71	199,06	255,39	372,27
$\sigma_c^2$	0,04	43,71	142,59	243,28	351,24	531,84	910,29
$\sigma_p^2$	1,15	73,05	299,93	498,81	693,00	883,41	1812,87
$c^2$	0,04±0,07	0,60±0,02	0,48±0,02	0,49±0,02	0,51±0,02	0,60±0,03	0,50±0,02
$h_a^2$	0,42±0,03	0,39±0,02	0,31±0,02	0,30±0,02	0,29±0,02	0,29±0,03	0,21±0,02

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_c^2$  = variância de ambiente permanente;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $c^2$  = componente de ambiente permanente;  $h_a^2$  = herdabilidade genética aditiva

Pelos resultados apresentados na Tab. 2 pode-se verificar similaridade com relação aos valores obtidos para variâncias genéticas aditivas e de ambiente permanente ao longo dos períodos observando-se as duas metodologias utilizadas. De modo geral, as variâncias de ambiente permanente foram altas ao longo das diversas pesagens, especialmente aos 35 e 42 dias.

Os valores obtidos se assemelham aos de Akhas et al. (2004), que usando regressão aleatória e variância residual homogênea, em codornas de corte, encontraram um aumento linear até a idade de 28 dias de idade (maior valor de herdabilidade), com a variância genética dos pesos corporais avaliados diminuindo ao final do período.

Comparando com resultados obtidos por Saatci et al. (2006) que avaliaram pesos corporais de codornas de corte, analisando os dados usando um modelo de características múltiplas, as herdabilidades foram próximas até a idade de 14 dias, sendo superiores nas demais idades. As herdabilidades foram inferiores aos valores obtidos por Winter et al. (2006) usando procedimentos Bayesianos até os 28 dias e superior ao valor obtido para o peso corporal aos 42 dias de idade.

#### 4 CONCLUSÃO

Houve expressiva variabilidade genética com herdabilidades crescentes ao longo do período de 1 a 42 dias de idade para variâncias residuais homogêneas e o inverso, isto é, decréscimo da variabilidade com o aumento da idade ao usarem-se modelos com variâncias residuais heterogêneas.

Pode-se concluir que a seleção, baseada nas estimativas obtidas para variância residual homogênea teria sucesso se realizada nas idades mais jovens, e se fossem usadas as estimativas obtidas pela variância residual heterogênea já a partir do peso corporal ao nascer.

## 5 REFERÊNCIAS

- AKHAS, Y.; TAKMA, C.; YAYLAK, E. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.2, p.104-109, 2004.
- BONAFÉ, C.M.; TEIXEIRA, R.B.; SOUZA, M.F. et al. Modelos de regressão aleatória considerando heterogeneidade de variâncias residuais na descrição de curva de crescimento de codornas européias. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTENIA, 45, 2008, Lavras. **Anais...** Lavras, 2008. CD ROM.
- COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; MACHADO, C.H.C. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p. 1520 – 1531, 2005.
- DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.
- FERNANDES, H.D.; FERREIRA, G.B.B.; RORATO, P.R.N. Tendências e parâmetros genéticos para características pré-desmama em bovinos da raça Charolês criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.321- 330, 2002 (supl.)
- MEYER, K. “**WOMBAT**”- a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. University of New England, Armidale, Australia. 66p. 2006.
- SAATCI, M.; OMED, H.; DEWI, I.Ap. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.85, p. 185-190, 2006.
- SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. Genetic evaluation in laying hens based on fixed and random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, Brasil. **Proceedings...** Belo Horizonte, Brasil, 2006. CD-ROM.
- WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G. et al. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte em várias idades. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1684-1690, 2006.