

Universidade Federal de Pelotas
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Departamento de Zootecnia
Programa de Pós Graduação em Zootecnia



Dissertação

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PESOS CORPORAIS DE
CODORNAS DE CORTE ATRAVÉS DE ANÁLISES UNICARACTERÍSTICAS COM
INFERÊNCIA BAYESIANA**

Jerusa Martins Germano

Pelotas, 2016

Jerusa Martins Germano

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PESOS CORPORAIS DE
CODORNAS DE CORTE ATRAVÉS DE ANÁLISES UNICARACTERÍSTICAS COM
INFERÊNCIA BAYESIANA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ciências, na área de concentração: Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Dr. Nelson José Laurino Dionello
Coorientadora: Prof. Dr^a Arione Augusti Bolligon

Pelotas, 2016

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

G373e Germano, Jerusa Martins

Estimativas de parâmetros genéticos em pesos corporais de codornas de corte através de análises unicaracterísticas com inferência bayesiana / Jerusa Martins Germano ; Nelson José Laurino Dionello, Arione Augusti Boligon, orientadores. — Pelotas, 2016.

51 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2016.

1. Herdabilidade. 2. Melhoramento genético. 3. Modelo unicaracterística. 4. Variância genética aditiva. I. Dionello, Nelson José Laurino, orient. II. Boligon, Arione Augusti, orient. III. Título.

CDD : 636.59

Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842

Banca examinadora

Prof. Dr. Nelson José Laurino Dionello (UFPel - DZ/FAEM)

Prof. Dr. Marcos Antonio Anciuti (Instituto Federal Sul-Riograndense)

Prof. Dr. Eduardo Brum Schwengber (UNIPAMPA – Dom Pedrito)

Dra. Patrícia Biegelmeier (Pós-Doutoranda em Bioinformática – Labegen)

À minha família, pelo amor, confiança, motivação e incansável apoio na elaboração deste trabalho, dedico.

Agradecimentos

Aos meus pais, por me terem dado educação e valores. Ao meu pai (*in memoriam*), que onde quer que esteja nunca deixou de me amar, nem de confiar em mim. Pai, meu amor eterno. À minha mãe, meu amor incondicional, minha fortaleza. Obrigada por me fazerem acreditar que posso mais que imagino;

Ao meu marido Luiz Virgílio, por ser tão importante na minha vida. Obrigado pelo companheirismo, amizade, paciência, compreensão, apoio, alegria e amor. Obrigada por ter feito do meu sonho o nosso sonho!

Ao meu amor maior, nosso pequeno Virgílinho, meu maior presente! Obrigada por me inundar de amor todos os dias. Obrigada por me inspirar a querer ser mais que fui até hoje!

À minha segunda mãe, minha madrinha Carmem Laura (*in memoriam*) pelos ensinamentos, conselhos, apoio e amor imensurável;

Ao meu irmão Igor, minha cunhada Bruna e meu sobrinho Murilo, obrigada por me aturarem todos os dias e serem tão presentes em minha vida;

Ao meu orientador Prof. Dr. Nelson José Laurino Dionello, pela confiança, pela oportunidade de trabalhar ao seu lado, pela infinita disponibilidade e por todos os ensinamentos;

Às minhas queridas amigas e colegas Ariane e Raquel, pela amizade e apoio;

À Universidade Federal de Pelotas, pela oportunidade de minha formação profissional;

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de crescimento acadêmico;

A CAPES, pela concessão da bolsa de estudo para o mestrado;

Obrigada todos que acreditaram em mim, mesmo quando eu não acreditava.

Resumo

GERMANO, Jerusa Martins. **Estimativas de parâmetros genéticos em pesos corporais de codornas de corte através de análises unicaracterísticas com inferência bayesiana.** 51p. 2016. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2016.

O objetivo dos pesquisadores no presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para pesos corporais de 15 gerações sucessivas de codornas de corte através do uso do Modelo Unicaracterística. Foram utilizados 8130 registros, provenientes codornas de corte, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Codornas da Universidade Federal de Pelotas. A característica peso corporal foi mensurada ao nascimento, aos 7, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, fazendo-se a seleção aos 42 dias de idade. Utilizou-se o programa computacional MTGSAM, que permite inferência bayesiana, usando amostragem de Gibbs, aplicado a um modelo animal, para estimar os componentes de covariâncias e herdabilidades. Na implementação da amostragem de Gibbs foram utilizadas 50.000 iterações, em razão do conhecimento *a priori* das estimativas, obtidas pela metodologia REML, com descarte inicial de 20.000 iterações para o período de aquecimento da cadeia de Gibbs e intervalo de retirada de 100 iterações, gerando um total de 300 amostras dos componentes de variância. Verificou-se que, com o aumento da idade das codornas, todas as variâncias apresentaram tendência de crescimento. A variância genética aditiva estimada aumentou consideravelmente do nascimento até os 42 dias, chegando a 398,837 (PC42). As variâncias fenotípica e de ambiente apresentaram comportamento semelhante, com comportamento crescente ao longo da curva de crescimento, obtendo-se no PC42 1250,59 e 851,75, respectivamente. As herdabilidades tenderam a ser decrescentes do nascimento aos 42 dias de idade, variando de 0,49 (PC1) à 0,31 (PC14) aumentando ligeiramente no PC21, se mantendo no PC28, voltando a subir no PC35 e decaindo novamente aos 42 dias (0,32), sendo a maior estimativa encontrada ao nascimento (0,49), indicando que a seleção teria sucesso se realizada aos 7 ou 35 dias de idade. A presença de variabilidade genética indica que a característica peso corporal pode ser utilizada como critério de seleção, sendo que os resultados encontrados sugerem que a inferência Bayesiana é apropriada na obtenção de estimativas em pesos corporais de codornas de corte.

Palavras-chave: herdabilidade; melhoramento genético; modelo unicaracterística; variância genética aditiva

Abstract

GERMANO, Jerusa Martins. **Estimates of genetic parameters in body weight through analysis univariate meat quails with bayesian inference**. 51p. 2016. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2016.

This study aimed to estimate the genetic parameters of body weight from 15 successive generations of meat-type quails, using the unicharacteristic model. A total of 8130 records obtained from the Federal University of Pelotas quail improvement program were used. The body weight trait was evaluated at hatch, 7, 14, 21, 28, 35 and 42 days of age. The MTGSAM computer program, which allows Bayesian interference, using Gibbs sampling, applied to an animal model to estimate components of covariance and heritabilities was used. By implementing the Gibbs sampling, 50000 interactions were used, due to the previous knowledge of estimates, obtained by the REML methodology, by firstly eliminating 20000 of the period of burn in of Gibbs chain and the interval of removing 100 interactions, generating a total of 300 samples of components of variance. It was observed that as the quails aged, all variances have shown a tendency to grow. The estimated additive genetic variance increased markedly from birth to 42 days of age, reaching 398.837 (BW42). The phenotypic and environmental variances have shown similar behaviour, with the behaviour growing along the growing curve, obtaining in BW42 1250.59 and 851.75, respectively. The heritabilities tended to decrease from hatch to 42 days of age, varying from 0.49 (BW1) to 0.31 (BW14), slightly increasing in the BW21, being maintained at BW28, increasing again at BW35 and decreasing once again at 42 days (0.32). The highest estimate was found at hatch (0.49), indicating the the selection would have been successful if performed at 7 or 35 days of age. The presence of genetic variability indicates the the body weight trait may be used as selection criteria. These results suggest that the Bayesian inference suits the objective of obtaining estimates of meat-type quail body weight.

Keywords: heritabilities; genetic improvement; unicharacteristic model; additive genetic variance

Lista de Tabelas

Tabela 1	Número de codornas pesadas nas quinze gerações.....	28
Tabela 2	Fórmulas utilizadas nas rações para codornas de corte.....	29
Tabela 3	Médias (g), desvios-padrão (DP, g), coeficiente de variação (CV, %), mínimos (Min, g) e máximos (Max, g) para pesos corporais de quinze gerações sucessivas de codornas de corte.....	31
Tabela 4	Estatísticas descritivas dos componentes de variância e de herdabilidades para pesos corporais de 1 a 42 dias, obtidos por análise ayesiana.....	32
Tabela 5	Pesos corporais (g) estimados por geração nas diversas idades avaliadas.....	38

Lista de Figuras

Figura 1	Componente de variância genética aditiva (σ^2_a), de ambiente (σ^2_e) e fenotípico.....	35
Figura 2	Herdabilidades estimadas para pesos corporais em codornas de corte do nascimento ao 42° dia.....	37
Figura 3	Evolução fenotípica para pesos corporais aos 35 dias de vida (PC35).....	39
Figura 4	Evolução fenotípica para pesos corporais aos 42 dias de vida (PC42).....	39

Lista de Símbolos

σ_a^2 = variância genética aditiva

σ_e^2 = variância de ambiente

σ_p^2 = variância fenotípica

h^2 = herdabilidade

Sumário

1. Introdução.....	13
2. Revisão Bibliográfica	16
2.1. Coturnicultura.....	16
2.2. Melhoramento em Codornas de corte	17
2.3. Modelos estatísticos.....	22
3. Metodologia	27
3.1. Dados utilizados	27
3.2. Composição dos dados.....	27
3.3. Análise estatística	29
4. Resultados e discussão	31
5. Conclusões	41
Referências	42

1. Introdução

A codorna é uma ave originária do norte da África, da Europa e da Ásia. Pertence à ordem dos Galináceos, família dos Fasianídeos (*Fasianidae*), onde se incluem também a galinha e a perdiz, subfamília dos Pernicídios (*Perdicionidae*) e gênero *Coturnix* (PINTO et al., 2002). Primeiramente, essa ave foi criada na China e Coréia e posteriormente, devido ao seu canto ser tão admirado, passou a ser criada no Japão. Sua domesticação se deu no início do século XIX pelos japoneses, através do cruzamento de codornas, advindas da Europa, com espécies silvestres criando uma ave domesticada, então chamada de *Coturnix coturnix japonica*. A partir daí, deu-se o início da sua exploração (REIS, 1980 apud PASTORE et al., 2012).

Em 1959, a codorna chegou ao Brasil pelas mãos do italiano Oscar Molena, que tinha como hobby a criação de codornas para caça. Rapidamente, por volta da década de 70, o consumo de seus ovos cresceu, pois acreditava-se que os mesmos possuíam propriedades afrodisíacas, mas posteriormente essa crença foi desmistificada pela ciência. A introdução da ave no país teve como principal atividade a produção e comercialização de ovos "*in natura*" da espécie *Coturnix coturnix japonica* (MURAKAMI e ARIKI, 1998). Durante muito tempo a criação de codorna visou somente à exploração de ovos, no Brasil. A coturnicultura de corte era considerada uma atividade secundária. Os machos de descarte eram enviados para abate, enquanto as fêmeas eram destinadas à postura e ao final do seu ciclo produtivo eram abatidas. Essa prática gerava carcaças pequenas e com baixo rendimento e também carcaças duras, características essas não apreciadas pelo mercado consumidor (MÁS et al., 2004).

No ano de 1989, uma grande empresa avícola, deu início ao primeiro criatório no Sul do Brasil e recentemente iniciou-se a exportação de carcaças de codornas congeladas (SILVA et al., 2011). A partir daí, a atividade passou a ter grande importância na economia agropecuária. Em 1996 uma nova espécie deu entrada no

país, espécie essa destinada ao corte. A codorna de corte (*Coturnix coturnix*), ou codorna europeia, abriu uma nova perspectiva no cenário nacional da avicultura (TEIXEIRA, 2011) e passou a ser vista como uma atividade promissora para pequenos e grandes criadores. Ainda assim, a espécie mais criada no país ainda é a *Coturnix coturnix japonica*, linhagem de baixo peso corporal, utilizada para produção de ovos (COSTA et al., 2008).

Em 2011 o Brasil já constava como o quinto maior produtor mundial de carne de codornas e o segundo de ovos, coincidindo com o surgimento das grandes criações automatizadas e tecnificadas e novas formas de comercialização do ovo e da carne de codornas (SILVA et al., 2011).

De acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE, o efetivo de codornas no Brasil está sempre em ascensão. Em 2005, o efetivo de cabeças era de 355 619. Apenas cinco anos depois, em 2010, o efetivo de codornas foi para 12 992 269 cabeças. Em 2011 foram 15 567 634 cabeças, registrando um aumento de 19,8% em relação ao ano de 2010, apresentando-se como o maior crescimento entre os efetivos de animais. Nos anos seguintes não foi diferente. Em 2012 o efetivo de codornas alcançou 16 436 164 de animais e em 2013, subiu 10,6% em relação ao ano anterior, somando, 18 172 milhões de unidades (IBGE 2010, 2011, 2012 e 2013).

Atualmente, o melhoramento genético é a principal ferramenta utilizada na cadeia produtiva de aves de corte. Seu uso é o principal responsável pela grande evolução da avicultura de corte e postura e está relacionado ao manejo, ambiência, nutrição e biossegurança e em conjunto, os programas de seleção são capazes de maximizar a expressão genética dos animais no ambiente real de produção (TEIXEIRA, 2011).

É nesse contexto que várias instituições de ensino superior, como a UFPel, deram início a programas de melhoramento genético de codornas de corte, pois as características de importância econômica de cada linhagem e de seus cruzamentos necessitam de constantes acompanhamentos. A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior (DIONELLO et al., 2008).

Dessa forma, objetivou-se com este estudo estimar os parâmetros genéticos e herdabilidades, para peso corporal, de 15 gerações sucessivas de codornas de corte, através de análise unicaracterística utilizando inferência Bayesiana.

2. Revisão Bibliográfica

2.1. Coturnicultura

A coturnicultura industrial conta com três espécies disponíveis para a exploração: codorna americana ou a Bobwhite quail (*Colinus virginianus*) e a europeia (*Coturnix coturnix coturnix*), ambas com aptidão para carne, e a japonesa (*Coturnix coturnix japonica*) com aptidão para ovos. Entre a espécie e as subespécies mencionadas, a japonesa é a mais difundida mundialmente (BARRETO et al., 2007).

A qualidade do produto recebe diferentes enfoques para produtores, consumidores, matrizeiros e abatedouros. Para os produtores, o crescimento, a eficiência alimentar e a viabilidade são as características mais importantes. Para os matrizeiros, boa postura, eclosão, peso adulto e consumo alimentar das matrizes são o mais importante. Já para o consumidor, características como aparência da carcaça e dos cortes nobres e características sensoriais são fundamentais. Por outro lado, rendimento, gordura, porcentagem de cortes e defeitos na carcaça são características determinantes para o abatedouro (BONAFÉ, 2008).

Com o desenvolvimento de novas tecnologias de produção, a coturnicultura de corte está se firmando como alternativa para o agronegócio e se inserindo na avicultura industrial com resultados promissores aos investidores (TEIXEIRA, 2011). Segundo Oliveira et al. (2002), a exploração da codorna de corte passou a difundir-se, ainda mais, quando da introdução da variedade europeia, pois esta atende os requisitos necessários à produção de carne, assim como possui taxa de crescimento elevada e do consumo de ração reduzido, tornando-se, assim, uma nova alternativa para o setor avícola. O sistema de criação entre as codornas de corte e postura apresenta diferenças mínimas. A codorna de corte permanece menos tempo nas instalações em comparação a japonesa destinada à produção de ovos, fazendo com que o sistema destinado às codornas europeias seja mais simples (TEIXEIRA, 2008).

Vários fatores têm contribuído para o aumento da criação de codornas no país, entre eles se destacam: baixo investimento inicial que utiliza pequenas áreas, baixo gasto com mão-de-obra e rápida reversão de capital investido, além de apresentar crescimento rápido, maturidade sexual precoce, diminuto intervalo entre gerações, e ser pouco exigente em espaço e nutrição. Ribeiro (2010) cita como outros fatores responsáveis pelo sucesso os ovos muito consumidos no mercado nacional e da carne, muito apreciada em países estrangeiros, como Ásia, Europa, Estados Unidos e Canadá.

O crescimento da coturnicultura tem encontrado barreiras que dificultam a exploração e maximização da produção. Uma dessas dificuldades seria a falta de uma avaliação econômica e zootécnica sobre as principais subespécies de codorna disponíveis para exploração, seja para produção de ovos ou carne (SILVA et al., 2007). Outra barreira encontrada é a falta de material genético que garanta o potencial de produção, assim como, a falta de embasamento técnico no esquema de seleção, levando a problemas de depressão pela consanguinidade, resultando em redução de postura, queda de fertilidade e aumento de mortalidade (PAIVA et al., 2004).

2.2. Melhoramento em Codornas de corte

Dentre as informações consideradas nos processos de avaliação genética e seleção na avicultura de corte, a taxa de crescimento é uma das mais importantes. Isso provavelmente se deve ao fato de que a indústria avícola de corte, considera como principal característica o desenvolvimento corporal (LEDUR et al., 1992). Entretanto, nos programas de melhoramento genético, é recomendável sua mensuração, junto com outras características de desempenho, pois este influencia na explicação da variação total das características produtivas em codornas de corte (LEITE et al., 2009) e a velocidade de crescimento dos animais é de suma importância, pois quanto mais rápido o mesmo atingir a idade adulta pode-se reduzir gastos com a alimentação, diminuir os intervalos de geração, e conseqüentemente, aumentar o ganho genético a cada geração (DRUMONDI et al., 2013).

O sucesso da criação dessas aves depende da escolha do material genético adequado às condições de criação, permitindo que o animal expresse toda a sua capacidade de produção (DIONELLO et al., 2008). Para o bom funcionamento de um programa de melhoramento genético animal é indispensável que o objetivo e o critério de seleção estejam bem definidos. Portanto, a obtenção de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas nos programas de melhoramento devem ser confiáveis (VAYEGO et al., 2008). Carneiro Junior et al. (2004), explicam que para a correta estimativa desses parâmetros (genéticos e fenotípicos) se faz necessário o conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas das características avaliadas ou de suas herdabilidades. O objetivo da estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as características usadas na seleção, assim como a estimação da tendência genética dessas características em linhagens de aves de corte é orientar, conduzir e até avaliar a eficiência da seleção empregada (GONÇALVES et al., 2012).

Segundo Dionello et al. (2008), o Brasil não dispõe de material genético de codornas, tanto para a produção de ovos como para a produção de carne, e ambos os sistemas de produção ficam na dependência de matrizes importadas. Martins (2002), ainda sugere que outro problema seria a falta de conhecimento das linhagens presentes no país. Barbosa (2003) explica que a seleção de indivíduos com base em características de importância econômica é de certa forma difícil em razão da complexidade da genética e da influência de ambiente que esses animais estão sujeitos. Ademais, a seleção com base em uma característica, pode provocar mudanças em outras, o que pode levar a erros na avaliação de cada indivíduo.

Para o desenvolvimento de uma linhagem de codornas de corte, se faz necessário o conhecimento da estrutura genética de cada população, de forma a orientar as decisões de seleção que serão tomadas a partir das avaliações genéticas. Entretanto, a eficiência de uma avaliação genética depende de inúmeros fatores, entre eles destacam-se o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada (GONÇALVES et al., 2012). Martins (2002) sugere que o ideal seria a formação de linhagens com duplo propósito, utilizando-se os machos para o abate e as fêmeas para a produção de ovos. Tal possibilidade seria possível devido ao fato da estimativa de correlação genética entre peso

corporal e número de ovos serem de pequena magnitude. Para isso, se faz necessários estudos que confirmem essa possibilidade.

Estudos envolvendo a característica peso corporal em codornas são bastante discutidos na literatura (WINTER et al., 2006; DIONELLO et al., 2008; LEITE et al., 2009; SILVA et al., 2010; BONAFÉ et al., 2011). Segundo Martins (2002) o procedimento utilizado para o desenvolvimento de material genético em codornas deve ser o mesmo empregado para frangos de corte e galinhas de postura, ou seja, através da seleção, visando os efeitos genéticos aditivos, e o posterior cruzamento para explorar a heterose e restaurar efeitos que possam ter sido causados pela consanguinidade. Da mesma forma, Hidalgo et al. (2007) relatam que o desenvolvimento das linhagens implica a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de forma a orientar as decisões de seleção que serão tomadas a partir das avaliações genéticas, com base nos dados coletados por meio de testes de desempenho. A seleção animal feita nos programas de melhoramento genético visa o desenvolvimento do material genético superior a cada geração. O conhecimento dos componentes da variabilidade genética é de grande importância em programas de melhoramento genético. A avaliação genética busca identificar indivíduos portadores de genes desejáveis, de forma que, quando usados na reprodução, os transmitam à próxima geração (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Através da informação de peso e tempo se torna possível à obtenção de parâmetros com interpretação biológica, como o fornecimento de estimativas de taxas de crescimento, grau de maturidade e tamanho à maturidade (LAIRD; HOWARD, 1967 apud DRUMONDI et al., 2013). Através do conhecimento desses parâmetros é possível detectar, em uma população, animais mais pesados em idades mais precoces (THOLON; QUEIROZ, 2009) e também obter informações importantes sobre a variação genética e ambiental da população em estudo (MANSOUR et al., 1991).

As codornas de corte atingem peso para o abate em idade bastante precoce. Esse fato se deve por elas apresentarem taxa de crescimento bastante elevada nos primeiros estágios de vida, além de peso final maior que as codornas de postura. Nos processos de seleção, a característica peso corporal é uma das informações mais utilizadas nas avaliações genéticas. Os pesos corporais podem ser mensurados a intervalos regulares, permitindo que cada animal tenha várias

medições de seu peso, o que caracteriza as chamadas medidas repetidas ou dados longitudinais (GONÇALVES, 2011). De acordo com Sarmiento et al. (2006), comumente tem se utilizado essa terminologia quando se deseja caracterizar um conjunto de observações medidas de um mesmo indivíduo ao longo do tempo, como por exemplo, pesos corporais de um animal medido em várias idades.

Silva et al. (2007) citam que por muito tempo, a carne de codorna utilizada para o consumo era resultante das criações destinadas à produção de ovos. Os machos eram criados até os 42 a 49 dias de idade e, então, abatidos. As carcaças então destinadas para o consumo eram pequenas, pesando entre 70 a 110g. As fêmeas de descarte também eram abatidas para o consumo, mas sua carne era relativamente dura por se tratar de aves de aproximadamente um ano de idade.

Segundo Albino e Barreto (2003) as codornas europeias são especializadas na produção de carne, além de possuírem elevado rendimento de carcaça podendo chegar a 72% em relação ao seu peso vivo, considerando vísceras comestíveis e gordura abdominal e 67%, considerando apenas carcaça limpa. Em concordância, Otutumi (2006), cita que o rendimento de carcaça de codornas de corte é alto, chegando em torno de 70% enquanto que as porcentagens de asas, dorso, pernas, peito e gordura encontram-se ao redor de 6,96%, 28,2%, 23,61%, 40,34% e 1,43 respectivamente, sendo esses relativos aos 70%. Além disso, a variedade de corte atinge a maturidade sexual por volta de 42 dias de vida, proporcionando uma carne muito tenra, com preparação gastronômica fácil e rápida, constituindo-se numa carne superior as outras além de possuir temperamento mais calmo e boa produção de ovos.

Gotuzzo et al. (2009) ao fazer a seleção baseada nos pesos corporais de codornas de corte, encontraram resultados bastante promissores, obtendo valores médios de pesos corporais aos 42 dias de idade em machos e fêmeas, em torno de 275g, apresentando tendências fenotípicas para este peso de 10,39g para machos e de 11,19 g/geração para fêmeas.

Alguns autores ao estudarem a seleção animal de codornas de corte através do peso corporal encontraram diferenças significativas entre linhagens selecionadas para o corte, com variações de 113,40g a 217g aos 56 dias de vida (OGUZ et al., 1996). Marks (1993) sugere que a eficiência alimentar, a conversão e o ganho de peso são afetados pela linhagem ou variedade das aves.

Ton et al. (2006) ao avaliarem o peso corporal e seus desvios padrões em codornas de corte, encontraram médias e desvios de $9,11 \pm 0,99$; $35,22 \pm 4,34$; $82,31 \pm 9,44$; $144,88 \pm 13,84$; $185,92 \pm 16,03$; $241,95 \pm 26,18$; para o nascimento, sete, 14, 21, 28 e 35 dias de idade, respectivamente. Esses valores estão acima dos valores encontrados por Resende et al. (2005) ao analisar codornas de postura.

A linhagem não é a única que influencia o desempenho produtivo de codornas, o efeito do sexo também influencia o desempenho e as características de carcaça. Silva et al. (2007) encontraram diferenças significativas em relação ao sexo, em que os machos apresentaram maior rendimento de carcaça (72,24%) que a fêmeas, embora as fêmeas tenham apresentado maior peso vivo (247,92g), o que é justificado pela maturidade sexual delas, e está relacionado com o peso do ovário e oviduto. Oliveira et al. (2002) também avaliaram o desempenho produtivo de codornas de ambos os sexos e encontraram maior peso corporal para fêmeas (225,4g) e ressaltaram que essa superioridade pode estar relacionada com deposição de gordura. Resultados semelhantes foram encontrados por outros autores ao estudarem o efeito do sexo sobre o peso corporal de codornas (OLIVEIRA et al., 2005; SILVA et al., 2007; CORRÊA et al., 2008; VELOSO et al., 2012).

Mori et al. (2005) avaliaram o desempenho de quatro grupos genéticos de codornas de corte, sendo esses adquiridos de três granjas diferentes (grupo genético A, B C e D), constataram diferenças no peso corporal e ganho de peso aos 42 dias, indicando boa aptidão para produção de carne. Diferenças para porcentagem de pernas, dorso e peito também foram encontradas. Informações sobre sua dupla aptidão (corte e postura) são escassas. Oliveira et al. (2005) avaliaram o desempenho produtivo de quatro grupos genéticos e relataram não encontrar diferenças entre eles, porém concluíram que as codornas de corte introduzidas no Brasil apresentam excelente aptidão para essa finalidade.

Em um estudo conduzido por Almeida et al. (2002), com intuito de comparar duas linhagens de codorna (japonesa e europeia) foi possível constatar que a codorna europeia apresentou maior ganho de peso, melhor conversão alimentar, menor consumo de ração e utilização mais eficiente do alimento, sugerindo melhor aptidão desta para corte. Esses resultados estão de acordo com resultados obtidos por outros autores, que também encontraram diferenças significativas no peso

corporal, ganho de peso e rendimento de carcaça, ao compararem as duas espécies (BAUMGARTNER et al., 1985; CORREA et al., 2007; GRIESER, 2012; MARKS, 1993). Isto evidencia o diferencial da linhagem de codorna criada para produção de carne.

Na literatura observa-se uma grande variação nas estimativas de herdabilidades para codornas de corte. Em uma revisão sobre melhoramento genético de codornas de postura feita por Minvielle (1998), foram encontrados valores para herdabilidades para peso corporal entre 0,47 e 0,74, para a produção de ovos entre 0,32 e 0,39, e para peso do ovo entre 0,35 e 0,62, mostrando que ganhos genéticos podem ser obtidos. Complementarmente, correlações genéticas entre número de ovos com o peso corporal e peso do ovo foram de 0 a -0,21 e de -0,19 a -0,55, respectivamente, indicando a possibilidade de ganhos genéticos no número de ovos não trariam grandes impactos no peso corporal e no peso do ovo. Essas informações são de extrema importância para os programas de seleção, tanto para codornas de corte quanto para de postura, pois estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos são imprescindíveis para os programas de melhoramento. Em um trabalho realizado com codornas de postura, Adeogun e Adeoye (2004), estimaram herdabilidades de 0,43 a 0,95 para peso corporal. Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Narinc et al. (2010). Os autores descreveram herdabilidades entre 0,42 e 0,62 para o peso corporal em codornas japonesas.

2.3. Modelos estatísticos

Nas pesquisas de melhoramento genético, se tornou comum utilizar modelos matemáticos para descrever funções biológicas. Esses modelos tem se mostrado bastante útil em produção animal, principalmente no acompanhamento do crescimento. Assim, variáveis quantitativas são tomadas para representar fatores que influenciam o fenômeno (RONDON et al., 2002).

Muitos modelos têm sido utilizados para mensurar as relações entre características no melhoramento animal. Essas características são consideradas dados longitudinais, pois podem ser mensuradas várias vezes ao longo da vida do

animal, como por exemplo, o peso corporal, produção de leite, ingestão de alimentos e produção de ovos (SILVA, 2010).

Um exemplo de característica longitudinal é descrito por Kirkpatrick e Heckman (1989). Os autores citam como exemplo a trajetória de crescimento de um animal associada à idade do mesmo, tendo duas ou mais mensurações de seu peso em diferentes estágios de sua vida. Sendo assim, cada uma das idades do animal pode ser considerada como uma característica diferente, existindo dessa forma, um número infinito de idades e de características (MENEZES et al., 2008).

No melhoramento animal, podem-se observar algumas vantagens ao se trabalhar com dados longitudinais, pois ao se trabalhar com dados pontuais, tem-se o aumento do ganho genético por unidade de tempo o que permite a avaliação de animais que tenham poucas medidas (SARMENTO, 2007), é possível ter melhor controle dos efeitos de ambiente já que é possível quantificar fatores específicos de cada dia que o indivíduo foi mensurado, e obtêm-se uma melhor utilização das informações disponíveis, já que todas as medidas do indivíduo são utilizadas (PTAK; SCHAEFFER, 1993). Segundo El Faro e Albuquerque (2003) uma das vantagens de se trabalhar com dados longitudinais é o fato deles dispensarem o uso de fatores de ajuste, pois pressupõe a mesma curva para todos os animais, o que elimina parte da variação genética entre os animais. Para Swalve (1995), outra vantagem é aumentar a precisão das estimativas dos componentes de (co)variância e na predição dos valores genéticos.

Medidas repetidas de um mesmo indivíduo podem ser analisadas sob diferentes aspectos metodológicos. Os modelos mais utilizados são os de repetibilidade. Esses modelos consideram todas as medidas como sendo o mesmo caráter (PEREIRA et al., 2000), ou os modelos de multicaracterísticas, que consideram cada medida como uma característica diferente (GRESSLER et al., 2000). Da mesma forma, análises unicaracterísticas são comumente utilizadas para estimar parâmetros genéticos (MEYER et al., 1993). Para se estimar os coeficientes de herdabilidades, utilizam-se as variâncias genéticas e residuais e assim, podemos obter informações sobre o êxito da seleção genética, ou seja, se uma característica foi alterada (PEDROSA et al., 2014).

Ao comparar modelos uni e bicaracterísticas com modelos multicaracterísticas, alguns autores apresentaram vantagens na utilização dos

modelos multicaracterísticas, pois estes consideram diversas características para a formação dos índices de seleção (RAMÍREZ-VALVERDE et al., 2007; BOLIGON et al., 2009). Igualmente, Schaeffer, (1984) cita que ao se analisar pesos em diferentes idades por meio de análise multicaracterísticas, é, em geral, mais consistente quando se compara ao modelo unicaracterística, pois todas as outras características são envolvidas na análise. Apesar disso, modelos uni e bicaracterísticos ainda são bastante utilizados e não foram substituídos por modelos multicaracterísticos, que segundo Ramírez-Valverde et al. (2007) são capazes de representar melhor a realidade fisiológica dos animais.

Entretanto, a decisão do modelo utilizado, dependerá, principalmente, das herdabilidades e correlações entre as características, pois conforme a combinação entre tais parâmetros, a eficiência entre os modelos multicaracterística e unicaracterística podem ser semelhantes (SARMENTO, 2006). Muitos dos trabalhos sobre codornas de corte encontrados na literatura são baseados em metodologias utilizadas nas décadas de 60 e 70, o que pode fornecer estimativas viesadas em relação à estimação de parâmetros genéticos (STRONG et al., 1978; NESTOR et al., 1982; BAUMGARTNER, 1994). Atualmente, podem-se obter estimativas mais acuradas, através do modelo animal, e se estimar parâmetros genéticos por meio de máxima verossimilhança restrita, obtendo assim previsões mais confiáveis (TEIXEIRA et al., 2013).

Como já descrito anteriormente, as principais informações para avaliação genética e seleção de codornas de corte são os pesos corporais mensurados durante o período de crescimento. As pesagens são, normalmente, feitas com intervalos de sete dias, a contar do nascimento, permitindo que cada animal tenha várias medições de seu peso. De acordo com Sarmento et al. (2006) em cada idade do animal o peso apresentará características diferentes e estas frequentemente estarão correlacionadas entre si. Dessa forma, o conhecimento da magnitude e direção das correlações é fundamental, já que a seleção de uma característica pode acarretar mudanças em outras. Ainda de acordo com os autores, vários modelos podem ser utilizados para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos. O modelo de repetibilidade é considerado mais simples, pois nele os pesos mensurados em diferentes idades são considerados como a mesma característica. Entretanto, esse modelo pressupõe homogeneidade de (co)variâncias

genéticas e não genéticas. Por outro lado, modelos uni ou multicaracterísticas, assumem que cada peso é uma característica diferente. No modelo multicaracterísticas, as (co)variâncias entre os pesos nas diferentes idades variam, e as correlações podem ser diferentes da unidade, ou seja, as correlações são levadas em consideração na análise.

Uma opção utilizada para avaliar o mérito genético em população de animais são os métodos bayesianos. Atualmente, a aplicação da estatística bayesiana por parte dos geneticistas tem se tornado mais frequente. Weigel e Gianola (1992) trabalhando com dados simulados para estimação de componentes de variância de um rebanho de touros, concluíram que a utilização da metodologia bayesiana pode permitir a predição de valores genéticos menos influenciados pela heterogeneidade de variâncias. Da mesma forma, Carneiro Júnior et al. (2007) também constataram que a utilização do método bayesiano com o aumento no nível de informação *a priori*, influenciou positivamente as estimativas dos componentes de variância.

Segundo Falcão et al. (2004) a metodologia bayesiana possibilita a obtenção de estimativas pontuais e mais acuradas em relação aos métodos frequentistas. Rossi et al. (2012) ao comparar produções de ovos em codornas de diferentes linhagens, por meio de métodos frequentistas e Bayesianos, constataram que o Bayesiano, foi capaz de detectar algumas diferenças não captadas pelas metodologias frequentistas paramétrica e não paramétrica. Faria et al. (2008) compararam os dois modelos com o objetivo de estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Nelore, e também encontraram vantagens em relação ao método frequentista. Da mesma forma, Toral et al. (2007) constataram que os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos estimados pelo método frequentista foram inferiores as médias *a posteriori* obtidas pela inferência bayesiana ao trabalharem com bovinos da raça Canchim.

Por meio da Amostragem de Gibbs, a inferência bayesiana, permite solução para muitos problemas que não foram resolvidos no passado em virtude da impossibilidade de resolução de múltiplas integrais na estimação de componentes de (co)variância e ainda, pode ser empregada em problemas complexos ou nas situações em que naturalmente não há conformidade com o cenário clássico. Sun et al. (1996), demonstraram que a inferência bayesiana é alternativa de grande

flexibilidade tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises, quanto às inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados, com menor custo computacional. O programa MTGSAM Threshold (“*multiple trait Gibbs sampler for animal models*”), desenvolvido por Van Tassel et al., (1995), que utiliza a inferência bayesiana sob o enfoque da amostragem de Gibbs, tem sido utilizado na estimação de parâmetros genéticos.

3. Metodologia

3.1. Dados utilizados

Para as análises, foram utilizados 8 130 registros de codornas de corte (*Coturnix coturnix coturnix*), provenientes de 15 gerações sucessivas. Para obtenção de cada geração, as aves foram pesadas individualmente, semanalmente, do nascimento até o 42º dia de idade e mantidas com controle de pedigree. As aves avaliadas foram oriundas de uma linhagem desenvolvida pelo Departamento de Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, cedidas como ovos férteis com pedigree, e incubados no Laboratório de Ensino e Experimentação Zootécnica do Departamento de Zootecnia Dr. Renato Rodrigues Peixoto, na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas (DZ/FAEM/UFPel).

3.2. Composição dos dados

Os animais foram alojados em gaiolas individuais, para proporcionar seu controle por pedigree, desde o nascimento até o momento da seleção. No período de reprodução, para obtenção da geração subsequente, os acasalamentos foram realizados ao acaso, evitando-se os acasalamentos consanguíneos. O período de acasalamento foi de 15 dias. Utilizou-se um macho para cada duas fêmeas onde diariamente o macho era alternado entre as fêmeas. Durante um período de 13 dias, os ovos foram coletados e identificados por adesivos numerados (número da fêmea) e colocados juntos, em sequência, nas bandejas de incubação. O período de incubação dos ovos foi de 19 dias. Antes do nascimento, mais precisamente no 16º dia, os ovos foram transferidos para uma bandeja de eclosão, sendo estas devidamente divididas em células, permitindo a separação por família, constituída pelos ovos de uma mesma fêmea. Ao nascimento cada uma das codorninhas foi identificada e pesada individualmente, tendo-se o cuidado com a identificação de pai

e mãe, para o controle de pedigree, em fichas em separado. A identificação de cada codorninha nascida é a etapa mais difícil do programa de melhoramento genético de codornas. A anilha de identificação, após algum tempo de pesquisas realizadas, vem sendo confeccionada a partir de canudinhos usados para consumo de refrigerantes, com dimensão de quatro milímetros, para o primeiro dia de vida. Na UFPel, a confecção destas anilhas de identificação, ocorre com o auxílio do computador, onde os números são sublinhados e impressos em impressora laser em folhas de papel adesivo. O uso de sublinhar o número é para evitar leituras errôneas do mesmo e a preferência por impressora laser em relação à impressora jato de tinta, porque este material acabará sendo molhado e impregnado de fezes das codorninhas e a numeração poderá ser manchada e, conseqüentemente, perdida. A confecção das anilhas continua com os números sendo colados nos canudos e, por cima, faz-se o acabamento com o uso de papel *contact* de boa qualidade, para maior proteção, cortando-se a seguir os canudinhos no comprimento ideal para uso nas perninhas das codornas. Para evitar esta perda abaixo da anilha é colocada uma arruela de silicone a qual é retirada aos 10 dias de idade. Visando a seleção, a característica principal observada foi o peso corporal, o qual foi avaliado no primeiro dia de vida, e aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 (PC1, PC7, PC14, PC21, PC28, PC35 e PC42, respectivamente) dias de vida das codornas, fazendo-se a seleção aos 42 dias de idade. O número de aves pesadas até o final do período está apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Número de codornas avaliadas nas quinze gerações

Geração	Nº de aves	Geração	Nº de aves
Primeira	743	Nona	410
Segunda	628	Décima	364
Terceira	1013	Décima primeira	565
Quarta	515	Décima segunda	374
Quinta	719	Décima terceira	529
Sexta	364	Décima quarta	545
Sétima	604	Décima quinta	422
Oitava	335		
Total			8 130

As codornas foram alimentadas com rações elaboradas no Aviário Experimental do DZ/FAEM/UFPel conforme as formulações apresentadas na Tabela 2, segundo Corrêa et al. (2006)

Tabela 2 - Fórmulas utilizadas nas rações para codornas de corte

Ingredientes	Fase inicial (%)	Fase crescimento (%)
Milho moído	41,31	60,27
Farelo de Soja	52,11	36,28
Óleo de soja	3,31	0,34
Calcário	1,07	1,08
Fosfato Bicálcico	0,94	1,01
Núcleo ¹	3,0	3,0
Sal	0,25	0,25
DL-Met	0,33	0,19
DL-treo	0,16	0,07
L-Lis	0,02	

¹ Composição/kg do produto: Ácido Fólico 16mg; Ácido pantotênico 200mg; Bacitracina de Zinco 600mg; Biotina 1,4mg; Cálcio 150 - 200g; Cobalto 3mg; Cobre 240mg; Colina 30g; Ferro 1000mg; Fósforo 45g; Iodo 28mg; Manganês 1400mg; DL-Metionina 10g; Niacina 840mg; Sódio 30g; Selênio 3,0mg; Vitamina A 200000 UI; Vitamina B1 40mg; Vitamina B12 430mg; Vitamina B2 120mg; Vitamina B6 55mg; Vitamina D3 42.000UI; Vitamina E 540 mg; Vitamina K3 50 mg; Zinco 1800mg.

3.3. Análise estatística

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, de ambiente e residual foram obtidas por meio do sistema computacional MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model*) (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995), que permite a inferência Bayesiana, usando amostragens de Gibbs, aplicado ao modelo animal. Ele utiliza o método iterativo de *Gauss-Seidel* nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem usados no

Amostrador de Gibbs. Na implementação da amostragem de Gibbs foram utilizadas 50 000 iterações, com descarte inicial de 20 000 iterações para o período de aquecimento da cadeia de Gibbs e intervalo de retirada de 100 iterações, gerando um total de 300 amostras dos componentes de variância.

Os parâmetros genéticos foram estimados empregando modelos unicaracterística, com as sete características de pesos corporais nas diferentes idades avaliadas. Foram obtidos 8 130 pedigrees avaliados ao final das quinze gerações. O modelo animal utilizado levou em consideração os efeitos fixos de grupos contemporâneos (geração e sexo) e os efeitos genéticos aditivos e residual como aleatório. O modelo matricial pode ser descrito da seguinte forma:

$$y = X \beta + Z \alpha + e$$

Onde:

y = vetor de pesos corporais nas idades de um até 42 dias;

β = vetor de efeito fixo;

α = vetor de efeito aleatório genético direto;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais;

X = matrizes de incidência dos efeitos fixos;

Z = matrizes de incidência dos efeitos aleatórios genéticos diretos.

Para os efeitos fixos $f(\beta) \propto \text{cte}$. Os efeitos aleatórios foram pressupostos normalmente distribuídos: $\alpha | \sigma_a^2, A \sim N(0, A \sigma_a^2)$, $p | \sigma_p^2 \sim N(0, I_p \sigma_p^2)$, $e | \sigma_e^2 \sim N(0, I_e \sigma_e^2)$, e os erros normais e independentes, $y | \beta, \alpha, p, \sigma_e^2 \sim \text{MVN} [X \beta + Z \alpha, \sigma_e^2]$. A estimativa dos componentes de variância foi obtida assumindo distribuição normal dos dados.

4. Resultados e discussão

As médias, desvios padrão, coeficiente de variação, máximos e mínimos dos pesos ao nascimento, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade das aves, nos diferentes períodos avaliados são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 - Médias (g), desvios-padrão (DP, g), coeficiente de variação (CV, %), mínimos (Min, g) e máximos (Max, g) para pesos corporais de quinze gerações sucessivas de codornas de corte.

	PC1	PC7	PC14	PC21	PC28	PC35	PC42
Média	9,39	35,17	86,92	149,81	208,98	258,67	288,11
DP	1,20	9,22	16,96	23,94	29,88	33,97	40,00
CV	12,83	26,21	19,51	15,99	14,30	13,13	13,88
Min	5,50	9,50	16,90	38,00	57,00	28,00	106,00
Max	15,00	71,00	155,50	243,00	311,00	628,50	452,00

PC1, PC7, PC14, PC21, PC28, PC35 e PC42, respectivamente, pesos corporais a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias;

Os valores obtidos para as médias foram crescentes para todas as idades, sendo a maior média de 288,11g (42 dias). O menor valor encontrado para os animais avaliados foi de 5,50g ao nascimento e o maior de 452g aos 42 dias de idade.

Esses valores são superiores aos relatados por Silva (2010). Através de análise multicaracterísticas, o autor avaliou os pesos corporais de codornas de corte para o grupo genético UFV1 para sete características encontrando pesos (g) de 9,69; 33,31; 84,14; 149,15; 210,06; 248,81 e 274,29 para nascimento, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente, e peso mínimo para nascimento de 5,30g e máximo de 448,54g aos 42 dias. Para o grupo genético UFV2 os resultados obtidos pelo autor foram maiores do que os encontrados neste trabalho para peso ao nascimento (9,82g) e peso mínimo (5,60g) e menores para média aos 42 dias (283,50g) e peso máximo (429,62g).

Na Tabela 4, podem-se observar as médias e desvios, os valores máximos e mínimos encontrados para as variâncias e herdabilidades para os pesos corporais em codornas de corte.

Tabela 4 - Estatísticas descritivas dos componentes de variância e de herdabilidades para pesos corporais de 1 a 42 dias, obtidos por análise Bayesiana

		Média	Mediana	DP	Mínimo	Máximo
PC1	σ^2_a	0,53	0,53	0,02	0,47	0,60
	σ^2_e	0,54	0,54	0,01	0,50	0,59
	σ^2_p	1,07	1,07	0,02	1,02	1,14
	h^2	0,49	0,49	0,02	0,45	0,53
PC7	σ^2_a	14,77	14,68	1,11	11,98	18,31
	σ^2_e	28,36	28,31	0,79	25,49	30,68
	σ^2_p	43,13	43,04	0,84	40,64	45,74
	h^2	0,34	0,34	0,02	0,29	0,42
PC14	σ^2_a	58,70	58,77	5,45	44,04	74,91
	σ^2_e	129,66	129,71	4,14	117,34	143,52
	σ^2_p	188,36	188,20	3,77	176,87	202,41
	h^2	0,31	0,31	0,03	0,24	0,39
PC21	σ^2_a	137,92	136,90	12,48	104,36	174,46
	σ^2_e	268,42	268,52	8,67	240,94	288,86
	σ^2_p	406,34	406,27	8,62	383,90	427,46
	h^2	0,34	0,34	0,03	0,27	0,42
PC28	σ^2_a	226,70	225,69	21,41	173,92	289,68
	σ^2_e	456,36	456,28	15,41	412,65	498,15
	σ^2_p	683,06	681,79	15,05	640,40	728,42
	h^2	0,33	0,33	0,03	0,26	0,41
PC35	σ^2_a	346,93	345,53	31,40	261,70	444,69
	σ^2_e	568,43	566,77	21,54	509,74	637,33
	σ^2_p	915,36	913,49	20,16	869,09	973,84
	h^2	0,38	0,38	0,03	0,30	0,46
PC42	σ^2_a	398,84	397,41	41,57	294,16	537,70
	σ^2_e	851,75	852,82	28,34	775,05	926,16
	σ^2_p	1250,59	1247,81	28,62	1184,51	1326,32
	h^2	0,32	0,32	0,03	0,24	0,41

PC1, PC7, PC14, PC21, PC28, PC35 e PC42, respectivamente, pesos corporais a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias; σ^2_a = variância genética aditiva, σ^2_e = variância de ambiente, σ^2_p = variância fenotípica, h^2 = herdabilidades

Como pode ser observado, as estimativas de média e mediana para os componentes de variância da característica avaliada apresentaram-se semelhantes sendo que, para os valores de herdabilidades, as medidas de tendência central tiveram valores idênticos, o que evidencia uma simetria na distribuição de frequência dos dados amostrais. Isso se deve ao fato de que quando a amostragem de Gibbs é corretamente implementada, as distribuições marginais *a posteriori* são mais estáveis e tendem a normalidade. Os valores dos desvios-padrão encontrados para a característica herdabilidade foram próximos à zero, sendo esse um bom indicativo de acurácia.

A variância genética aditiva estimada aumentou consideravelmente do nascimento até os 42 dias, chegando a 398,84 (PC42). Este resultado foi semelhante ao relatado por Dionello et al. (2008) que encontraram valores de variância genética de 450,38 para peso corporal aos 42 dias de idade em codornas de corte.

As variâncias de ambiente foram crescentes e altas ao longo das diversas pesagens, obtendo-se 851,75 no PC42. Gonçalves (2011) ao estimar variância de ambiente para um modelo com heterogeneidade residual encontrou valores de 0,17; 16,87; 100,38; 432,43; 779,74; 876,52 e 580,68 do nascimento ao 42º dia em codornas de corte.

As variâncias fenotípicas e de ambiente apresentaram comportamento semelhante, com comportamento crescente ao longo da curva de crescimento. Isso se deve ao fato dos pesos aumentarem com a idade. Esses resultados vão de acordo com outros autores, que também observaram aumento nas estimativas com o aumento da idade em codornas de corte (AKBAS et al., 2004, DIONELLO et al., 2006, 2008, BONAFÉ et al., 2011 e WINTER, 2005). Em um trabalho realizado utilizando modelo de regressão aleatória com bovinos da raça Tabapuã, Dias et al. (2006), também observaram um aumento nas estimativas de variância de ambiente em função da idade. Resultados semelhantes foram relatados por Albuquerque e Meyer (2001) e Cyrillo (2003) ao estudar animais da raça Nelore. O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente é de grande importância em programas de melhoramento genético.

Resultados semelhantes foram encontrados por Marques et al. (1999), que ao trabalharem com animais da raça Simental, em modelos multicaracterísticas, analisados do nascimento a um ano de idade, em intervalos trimestrais, observaram estimativas de variâncias genética aditiva crescentes. Gonçalves (2011) em estudo realizado com a intenção de avaliar geneticamente o crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória observou comportamento crescente ao longo da curva de crescimento, para ambas as variâncias, apresentando ligeira queda aos 42 dias. Bonafé (2008) encontrou valores semelhantes cujas estimativas de variâncias considerando heterogeneidade de variância oscilaram de 0,33 a 290,30 para a linhagem de codorna de corte UFV1 e de 0,33 a 288,30 para a linhagem UFV2.

Pode-se observar a partir da figura 1 que, no decorrer das idades, todas as variâncias apresentaram tendências parecidas, crescentes do nascimento ao 42º dia de vida. Gonçalves (2011) encontrou estimativa de variância genética aditiva crescente até os 35 dias de idade, apresentando ligeira queda na última semana e a variância residual, também, apresentou tendência de queda aos 21 e 35 dias de idade, mas com comportamento crescente até os 42 dias em codornas de corte. Os autores sugerem que a tendência de queda da variância genética aditiva pode ser relacionada a problemas de comportamento das aves na última fase de criação, onde os animais tendem a ficar mais agitados, as fêmeas entram na maturidade sexual e os machos desenvolvem comportamento competitivo para estabelecer hierarquia por alimento e território. Estes fatores podem levar a um aumento da variância residual e como consequência, diminuição da herdabilidade ao longo do crescimento dos animais.

Esse aumento na variância fenotípica (σ^2_p) em relação à idade dos animais foi atribuído, principalmente, à progressão da variância genética aditiva (σ^2_a), ao longo da curva de crescimento, e também, pelo fato de que em idades mais elevadas, os pesos normalmente são de maior magnitude.

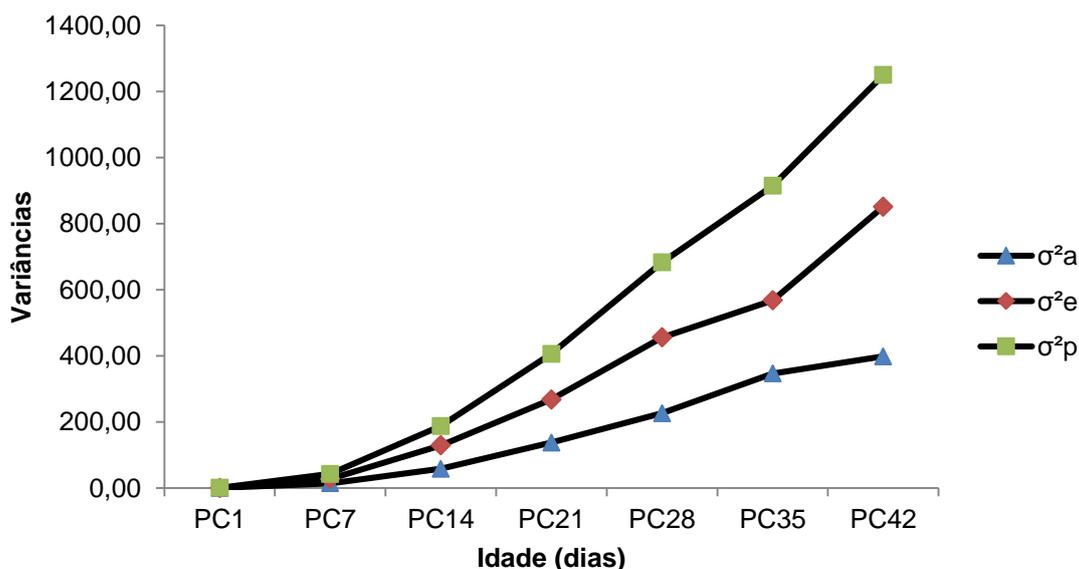


Figura 1. Componente de variância genética aditiva (σ^2_a), de ambiente (σ^2_e) e fenotípico (σ^2_p)

As estimativas para herdabilidades (Tabela 3), de um modo geral, foram de média a alta no decorrer da curva de crescimento para as idades avaliadas, mostrando-se decrescentes do nascimento aos 14 dias, crescente dos 14 aos 35 dias e decrescendo novamente após os 35 dias. Resultados semelhantes foram encontrados por Bonafé et al. (2011).

Germano et al. (2012) encontraram resultados semelhantes utilizando o MRA, relatando herdabilidades de 0,42 (P1) e 0,38 (P7), indicando que a seleção teria sucesso se realizada até os 14 dias de idade. Em outro trabalho, Germano et al. (2012a), ao compararem as metodologia frequentista e a Bayesiana encontraram herdabilidades de 0,49 para peso corporal ao nascimento em ambas as metodologias.

Esses resultados são diferentes dos encontrados por Dionello et al. (2008) que, ao avaliarem o grupo genético EV1, estimaram herdabilidades crescentes para os pesos a um, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade de 0,01; 0,05; 0,18; 0,28; 0,38; 0,45 e 0,50, respectivamente, para codornas de corte. De acordo com os autores, a crescente herdabilidade e a variabilidade genética indicam que a seleção dentro do grupo genético EV1 para peso poderia ser realizada com sucesso.

Aggrey e Cheng (1994), ao avaliarem em codornas japonesas o peso corporal no nascimento, aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, utilizando o método de máxima

verossimilhança restrita, encontraram estimativas de herdabilidades de 0,38; 0,12; 0,31; 0,12 e 0,44, respectivamente. Os autores sugerem que a seleção para os pesos ao nascimento, aos 14 e 28 dias de idade, pode ter resultados satisfatórios.

Paiva et al. (2005) estimaram herdabilidades para os pesos em codornas de postura ao nascimento, sete, 14, 21, 28 e 35 dias de idade, de 0,25; 0,03; 0,13; 0,15; 0,18 e 0,24, respectivamente, sugerindo que a seleção deve ser feita por meio do modelo animal e com base na predição do valor genético, usando toda informação disponível.

Estes resultados discordam dos encontrados por Winter (2005) que verificou em codornas de corte herdabilidades crescentes para peso aos sete, 14, 28 e 42 dias, de 0,25; 0,43; 0,53; 0,62; respectivamente, e de Saatci et al. (2006), que ao analisarem dados usando um modelo de características múltiplas, encontraram herdabilidades baixas até os 14 dias de idade em codornas de postura, sendo superiores nas demais idades. Os autores Saatci et al. (2003, 2006) concluíram que o período de seleção com melhor possibilidade de sucesso em termos de ganho genético seria em torno dos 28 dias de idade. Em uma revisão sobre melhoramento genético de codornas de corte, Minvielle (1998) encontrou valores de herdabilidades para peso corporal de 0,47 e 0,74 em codornas de postura. Hidalgo et al. (2007) também encontraram alta e crescente herdabilidades para pesos corporais ao avaliarem codornas de postura aos 70, 100 e 130 dias de idade, com valores de 0,78; 0,84 e 0,85, respectivamente.

Ton et al. (2006) encontraram resultados que indicaram dificuldade na obtenção de progresso genético no peso corporal de codornas de corte ao estimar herdabilidades de 0,05; 0,06; 0,09; 0,07; 0,08 e 0,07 para pesos ao nascimento, sete, 14, 28 e 35 dias respectivamente. Resultado semelhante foi encontrado por Dionello et al. (2008) ao comparar os grupos genéticos de codornas de corte, EV1 e EV2, relatando herdabilidades de 0,01; 0,01; 0,02; 0,01; 0,01; 0,04; 0,10 para pesos corporais ao nascimento, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias para o grupo genético EV2.

Ao utilizar codornas de postura, Resende et al. (2005) concluíram que mudanças no peso corporal podem ser eficientes quando obtidas por meio de seleção, ao estimarem herdabilidades de 0,33; 0,35; 0,36; 0,43 e 0,47 ao nascimento, sete, 14, 21 e 28 dias de idade, respectivamente. De acordo com Akbas et al. (2004), as herdabilidades estimadas para peso corporal de codornas de corte

foram crescentes até a 5ª semana (0,61), ou seja, 28 dias, com ligeira queda aos 42 dias (0,44).

De um modo geral, obtiveram-se valores de herdabilidades decrescente entre PC1 e PC42, sugerindo que o melhor momento para seleção seria nas idades mais jovens.

As herdabilidades estimadas nas diferentes idades para as quinze gerações estudadas podem ser melhores observadas na figura 2.

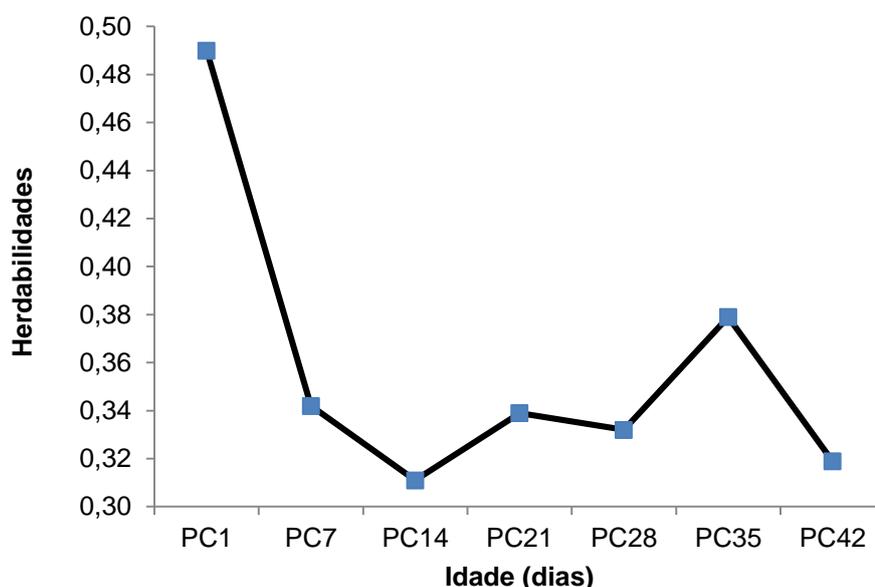


Figura 2 - Herdabilidades estimadas para pesos corporais em codornas de corte do nascimento ao 42º dia

Como pode ser observado na figura 2, as maiores herdabilidades encontradas foram ao nascimento e aos 35 dias, e a menor ao 14º dia. Vali et al. (2005), ao estimarem parâmetros genéticos para codornas japonesas, encontraram herdabilidades para os pesos corporais aos 35, 42, 49 e 63 dias de idade de 0,29; 0,24; 0,11; 0,12, respectivamente. Teixeira et al. (2013) ao avaliarem dois grupos genéticos de codornas de corte (UFV1 e UFV2) através de análise univariada, encontraram elevados valores de herdabilidades ao nascimento (0,64 e 0,68) e valores oscilantes para o resto da curva de crescimento, onde as estimativas de herdabilidades dos pesos corporais variaram dos 7 aos 42 dias de 0,26 a 0,44,

respectivamente, para os dois grupos genéticos, sendo consideradas de média a alta.

Na tabela a seguir (Tabela 5) é possível acompanhar o crescimento da linhagem através dos pesos corporais nas diferentes idades avaliadas para as 15 gerações.

Tabela 5 - Pesos corporais (g) estimados por geração nas diversas idades avaliadas

	PC1	PC7	PC14	PC21	PC28	PC35	PC42
Geração 1	8,97	25,72	80,56	135,60	193,13	231,82	250,94
Geração 2	9,20	29,27	77,72	140,80	207,34	251,73	283,81
Geração 3	8,96	28,91	82,26	144,39	205,61	238,13	272,51
Geração 4	9,91	48,04	111,88	182,07	237,68	283,05	300,43
Geração 5	10,30	36,89	90,36	150,08	206,29	262,12	292,99
Geração 6	10,81	43,15	99,97	162,81	223,54	280,68	306,76
Geração 7	9,92	30,35	81,69	143,48	200,52	253,06	286,15
Geração 8	10,21	44,25	105,34	175,08	237,49	276,55	295,28
Geração 9	9,05	29,90	82,33	135,86	191,93	242,71	254,70
Geração 10	8,45	41,22	87,32	141,88	203,45	258,35	271,19
Geração 11	9,16	35,22	80,16	152,40	211,45	271,20	291,39
Geração 12	8,35	45,94	97,27	168,59	232,16	267,28	310,86
Geração 13	9,46	38,17	79,81	144,82	189,64	261,90	305,30
Geração 14	9,64	36,48	77,57	133,48	195,02	258,21	302,80
Geração 15	9,21	39,24	101,56	163,60	232,02	291,80	327,23

PC1, PC7, PC14, PC21, PC28, PC35 e PC42 respectivamente, pesos corporais ao nascimento, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de vida;

Através da tabela 5, pode-se notar o aumento fenotípico que foi alcançado pelos animais até a 15ª geração, fato ressaltado nas figuras 3 e 4.

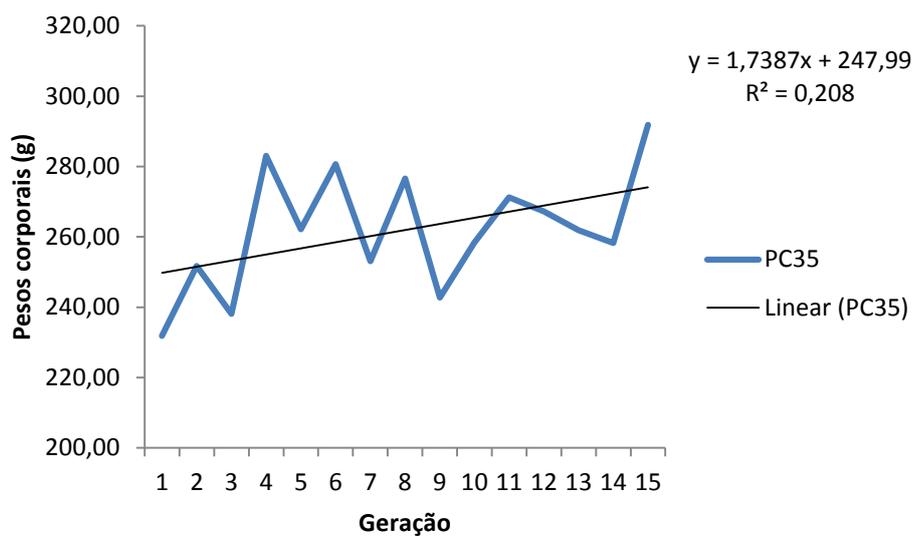


Figura 3 - Evolução fenotípica para pesos corporais aos 35 dias de vida (PC35)

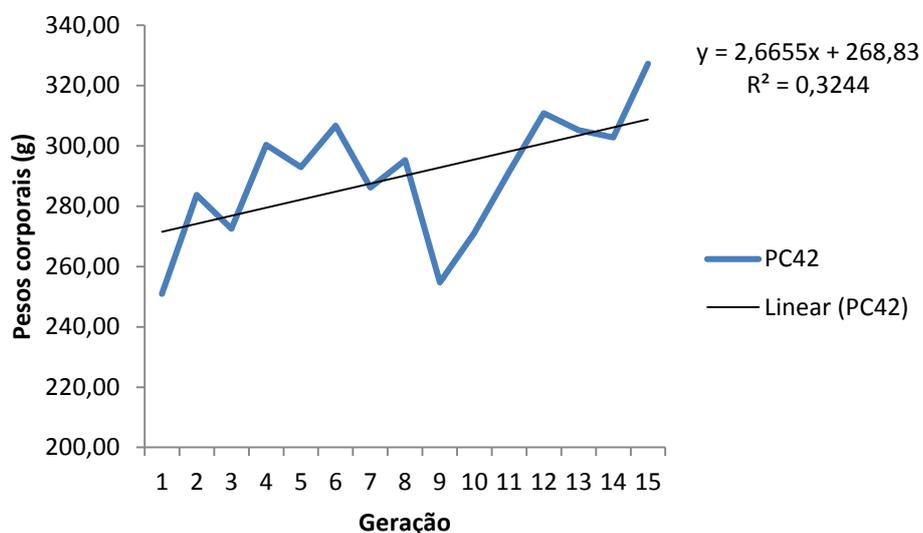


Figura 4 - Evolução fenotípica para pesos corporais aos 42 dias de vida (PC42)

De uma forma geral, através da seleção, foi possível obter-se um ganho médio satisfatório entre as gerações. Para PC1 foi observado uma perda insignificante de -0,030g por geração ($P > 0,05$), sendo o menor peso obtido na geração 12 e o maior na geração 6; 0,594g, para PC7, sendo o menor peso obtido

na geração 1 e o maior na geração 4; 0,072g para PC14, sendo o menor peso obtido na geração 14 e o maior na geração 4; 0,206g para PC21, sendo o menor peso obtido na geração 14 e o maior na geração 4; 0,226g para PC28, sendo o menor peso obtido na geração 13 e o maior na geração 4; 1,739g para PC35, sendo o menor peso obtido na geração 1 e o maior na geração 15 e 2,665g para PC42, sendo o menor peso obtido na geração 1 e o maior na geração 15.

Especialmente para o PC42 a equação linear calculada ao longo das 15 gerações foi $y = 56,773x - 60,711$, o que significa que essa linhagem teve um ganho médio de 56,773g entre a primeira e a 15ª geração.

Ribeiro (2014) ao avaliar 15 gerações de codornas de corte, separadas em três grupos de gerações (G1, G2 e G3) sendo cada grupo com 5 gerações e cinco registros de peso corporal (nascimento, 7, 14, 21 e 28 dias) de duas linhagens (UFV1, UBV2) desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Aves do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, encontrou valores para UFV1 médios para o grupo G1 de 9,44; 30,28; 79,83; 139,04; 197,17; para o grupo G2 de 10,10; 37,95; 97,41; 167,01; 233,35; e para o grupo G3 de 10,51; 43,54; 106,88; 185,42 e 253,50 para peso ao nascimento, 7, 14, 21 e 28 dias, respectivamente. Esses valores são superiores aos encontrados o presente trabalho para peso corporal aos 28 dias, considerando as médias G2 e G3 (211,38g e 212,06g) e inferior para média G1 (210,01g). Nestor et al. (2002), estudando o efeito da seleção para aumento de ganho de peso em seis linhagens de codornas japonesas, obtiveram valores para machos e fêmeas, respectivamente, aos 28 dias, de 213,1g e 225g.

5. Conclusões

Houve evolução fenotípica entre as 15 gerações de codornas de corte avaliadas. A presença de variabilidade genética indica que a característica peso corporal podem ser utilizadas como critério de seleção.

Os valores encontrados para a herdabilidades no peso ao nascimento e aos 35 dias de idade indicam um alto potencial de resposta à seleção.

Referências

- ADEOGUN, I.O.; ADEOYE, A. A. Heritabilities and phenotypic correlations of growth performance traits in Japanese quails. **Livestock Research for Rural Development**, v.16, n.12, 2004
- AGGREY, S.E.; CHENG, K.M. Animal model analysis of genetic (co)variances for growth traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.73, n.12, p.1822-1828, 1994.
- AKBAS, Y. ; TAKMA,Ç. YAYLAK, E. Genetic parameters for body weight using a random regression model. **South African Journal of Animal Science**. v.34, n.2, p.104-109. 2004.
- ALBINO, L.F.T.; BARRETO, S.L.T. **Criação de codornas para produção de ovos e carne**. Viçosa, MG: Aprenda Fácil, 289p. 2003
- ALBUQUERQUE, LG de; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of animal science**, p.2776-2789, 2001.
- ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G.; RAMOS, P.R. et al. Efeito de linhagem e nível proteico sobre as características de carcaça de machos de codornas (*Coturnix* sp.). In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4, 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2002, p.105-107.
- BAUMGARTNER, J.; KOCIOVA, E.; POLANSKA, O. Carcass and nutritive value of japanese quail. **Roczniki Naukowe Zootechniki**, v.12, n.1, p.171-178, 1985.
- BAUMGARTNER, J. Japanese quail production, breeding and genetics. **Poultry Science Journal**, v.50, n.2, p.227-235, 1994.
- BARBOSA, L. **Utilização de técnicas de análise multivariada na avaliação de características quantitativas de uma população F2 de suínos**. 2003. 80f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- BARRETO S. L. T.; ARAUJO, M.S.; UMIGI, R. T.; et al. Níveis de sódio em dietas para codorna japonesa em pico de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 2007.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al.

Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, p.2320-2326, 2009.

BONAFÉ, C.M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. 2008. 58f. Diss. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2008.

BONAFÉ, C. M.; TORRES, R. A. T.; SARMENTO, J. L. R. S.; et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.765-771, 2011.

CARNEIRO JUNIOR, J.M.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. et al. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.328-336, 2004.

CARNEIRO JUNIOR, J. M.; DE ASSIS, G. M. L.; FREDERICO, R. et al. Estimação de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e frequentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. *Revista Brasileira de Zootecnia: Brazilian Journal of Animal Science*, Brasília, 36(5), 1539-1548, 2007.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de metionina + cistina para codornas de corte em crescimento. **Arquivo de medicina veterinária e zootecnia**, v.58, n.3, p. 414-420, 2006.

CORRÊA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B. et al. Exigência de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte EV1. **Arquivo de medicina veterinária e zootecnia**, v.59, p.797-804, 2007.

CORRÊA, G. S. S.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; et al. Níveis de proteína bruta para codornas de corte durante o período de crescimento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.6, n.1, p.209-217, 2008.

COSTA, C. H. R.; BARRETO, S. L. T.; FILHO, R. M. M.; et al. Avaliação do desempenho e da qualidade dos ovos de codornas de corte de dois grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1823-1828, 2008.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585p.

CYRILLO, JNSG. **Estimativas de funções de covariância para o crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. 2003. 72f. 2003. Tese

de Doutorado. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

DIAS, L. T., ALBUQUERQUE, L. D., TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 35(5), 1915-1925, 2006.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A. et al. Efeitos maternos e permanentes na avaliação genética de linhagens de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA Sociedade Brasileira de Zootecnia, 43. 2006, João Pessoa. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Zootecnia/Gmosis, [2006]. (CD-ROM).

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.60, n.2, p. 454-460. 2008.

DIONELLO, N.J.L.; GOTUZZO, A.G.; DALLMANN, H.D. et al. Avaliação de pesos corporais em codornas de corte ajustados pelo uso de modelos de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTENIA, 46, 2009, Maringá. **Anais...** Maringá, 2009. CD ROM.

DRUMONDI, E. S. C.; GONÇALVES, F. M.; DE CARVALHO V. R. et al. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, 43(10), 2013.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.1104-1113, 2003.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et al. Aplicação de métodos REML e bayesiano via amostrador de Gibbs na estimação de componentes de variância para produção de leite no estado do Paraná. **Anais...** Simpósio da sociedade brasileira de melhoramento animal, 5, 2004, Pirassununga: SBMA, 2004. CD-ROM.

FARIA, C.U. de; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. de. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.835-841, 2008.
GERMANO, J.M.; DIONELLO, N.J.L.; LOURENÇO, L.A. et al. Variâncias de efeitos genéticos aditivos e permanentes, e herdabilidades para pesos corporais de

codornas de corte. **Anais...** XXII Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2012, Cuiabá-MT. Zootec 2012 – A Importância da Zootecnia para Segurança Alimentar, 2012.

GERMANO, J. M., DIONELLO, N. J. L., DELLA-FLORA, R. et al. Evolução fenotípica dos pesos corporais em codornas de corte. **Anais...** XXII Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2012, Cuiabá- MT. Zootec 2012 - A importância da Zootecnia para a Segurança Alimentar, 2012a.

GRESSLER, S.L.; BERGMAN, J.A.G.; PEREIRA, A.S. et al. Estudo das associações entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.427-437, 2000.

GONÇALVES, F. M. **Avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. DIAMANTINA – MG, 2011.

GONÇALVES, F. M.; DRUMOND, E. S. C.; BALLOTIN, L. M. V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Anais...** IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2012.

GOTUZZO, A.G.; REIS, J.S.; ROSA, E. et al. Tendências fenotípicas em pesos corporais aos 21 e 42 dias em codornas de corte. In: congresso de iniciação científica e encontro de pós graduação, 18, 2009, Pelotas. **Anais...** Pelotas, 2009. CD ROM

GRIESER, D. O. **Estudo do crescimento e composição corporal de linhagens de codornas de corte e postura**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2012.

HIDALGO, A.M.; GEORG, P. C.; QUADROS, T. C. O. et al. Parâmetros genéticos para peso do ovo e peso corporal em codornas de postura. In: simpósio internacional, 3.; congresso brasileiro de coturnicultura, 2., 2007, Lavras, MG. **Anais...** Lavras: NECTA, 2007. V.3, p.219.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA ESTATÍSTICA- IBGE. Disponível em <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/ppm/2010/tabelas_pdf/tab21.pdf>Acessado em 22/10/2015

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA ESTATÍSTICA- IBGE. Disponível em <ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2011/tabelas_pdf/tab01.pdf>Acessado em 04/11/2015.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA ESTATÍSTICA- IBGE. Disponível em < ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2012/tabelas_pdf/tab05.pdf >Acessado em 05/11/2015.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA ESTATÍSTICA- IBGE. Disponível em < ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2013/tabelas_pdf/tab05.pdf >Acessado em 05/11/2015.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v. 27, p. 429-450, 1989.

LAIRD, A.K.; HOWARD, A. Growth curves in inbred mice. **Nature**, v.213, n.5078, p.786-788, 1967

LEDUR, M.C.; SCHMIST, G.S.; AVILA V. S. et al. Parâmetros Genéticos e fenotípicos para pesos corporais em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, V. 21, p. 667-673, 1992.

LEITE, C.D.S.; CORRÊA, G.S.S.; BARBOSA, L. et al. Avaliação de características de desempenho e de carcaça de codornas de corte por meio de análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, V.61, n.2, p. 498-503, 2009.

MANSOUR, H.; JENSEN, E.L.; JOHNSON, L.P. Analysis of covariance structure of repeated measurements in holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, v.74, n.8, p.2757-2766, 1991.

MARKS, H.L. Carcass composition, feed intake, and feed efficiency following longterm selection for 4-week body weight in Japanese quail. **Poultry Science**, v.72, n.6, p.1005-1011, 1993.

MARQUES, L. F., PEREIRA, J. C., OLIVEIRA, H. N. D. et al. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de medicina veterinária e zootecnia**, 51(4), 363-70, 1999.

MARTINS, E. N. Perspectivas do melhoramento genético de codornas no brasil. Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Agrárias Universidade Estadual de Maringá. **Anais...** do IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2002.

MÁS, H.A.R.; FASSANI, E.J.J.; BRITO, J.A.G. et al. Rendimento de carcaça de codornas de corte submetidas a diferentes níveis protéicos e idades de abate. In: SIMPÓSIO DE COTURNICULTURA, 2, 2004, Lavras. **Anais...**Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2004.

MENEZES, G.R.O.; MELO, A.L.P.; BRITO, L.F. et al. Comparação de modelos de regressão aleatória utilizados na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008. São Carlos - SP. **Anais...** São Carlos, 2008.

MEYER, K.; CARRICK, M.J.; DONNELLY, B.J.P. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal animal science**, v.71, p.2614-2622, 1993.

MINVIELLE, F. Genetics and breeding of japanese quail for production around the world. In: ASIAN PACIFIC POULTRY CONGRESS, 6th. Nagoia, 1998. Proceeding... Nagoia: **Japan Poultry Science Association**. p.122-7. 1998.

MORI, C.; GARCIA, E. A.; PAVAN, A. C.; et al. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.870-876, 2005.

MURAKAMI, A.E.; ARIKI, J. Produção de codornas japonesas. Jaboticabal. **Funep**, 1998.

NARINC, D.; AKSOY, T.; KARAMAN, E. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.3, p.501-507, 2010.

NESTOR, K.E. BACON W.L, ANTHONY N.B et al. Divergent selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix Japonica*. **Poultry Science Journal**, v.61, n.3, p.12-17, 1982.

NESTOR, K.E.; BACON, W.L.; VELLEMAN, S.G. et al. Effect of selection for increased body weight and increased plasma yolk precursor on developmental stability in japanese quail. **Poultry Science**, v.81, n.2, p.160-168, 2002.

OGUZ, I.; ALTAN, O.; KIRKPINAR, F. et al. Body weights, carcass characteristics, organ weights, abdominal fat and lipid content of liver and carcass on two lines of japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four week body weight. **British Poultry Science**, v.37, n.3, p.579-588, 1996.

OLIVEIRA, N.T.E. SILVA, M. A. SOARES, R. T. R. N.; et al. Exigências de proteína bruta e energia metabolizável para codornas japonesas machos criadas para a produção de carne. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.196-203, 2002.

OLIVEIRA, E. G.; ALMEIDA, M. I. M.; MENDES, A. A.; VEIGA, N.; DIAS, K. Desempenho produtivo de quatro grupos genéticos de codornas (*coturnix* sp.) para corte. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.3, p.33-37, 2005.

OTUTUMI, L.K. **Uso de probiótico para codornas de corte (*Coturnix coturnix* sp)**. 80f. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2006.

PAIVA, E., GEORG, P., C., RESENDE, R., O., et al. Genetic And Phenotypic Parameters For Body Weight at 28 days of Age at First Egg, in Laying Quails. **Anais... XXII World's Poultry Congress, 2004, Turkish Branch. Book of Abstracts. Turkish Branch: Istanbul Convention and Exhibition Center**, p. 140, 2004.

PAIVA, E.; GEORG, P. C., CONTI, A. C. M., et al., Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso aos 28 dias, idade ao primeiro ovo e peso do ovo em três linhagens de codornas de postura. In: Reunião anual da sociedade brasileira de zootecnia, 42, 2005, Goiânia. **Anais... Goiania: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD- ROM, Melhoramento Genético Animal.**

PASTORE, S.M.; Oliveira, W.P. de; Muniz, J.C.L. Panorama da coturnicultura no Brasil. **Revista eletrônica nutritime**. vol.9, n.6, p.2041–2049, Nov./Dez.2012.

PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Utilização de modelos unicaracterística e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v. 66, n. 6, p. 1802-1812, 2014.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Correlação genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.29, p.1676-1683, 2000.

PINTO, R.; FERREIRA, A. S.; ALBINO, L. F. T. et al. Níveis de Proteína e Energia para Codornas Japonesas em Postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1761-1770, 2002.

PTAK, E.; SCHAEFFER, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**, v.34, p.23-34, 1993.

RAMÍREZ-VALVERDE R.; HERNANDEZ-ALVAREZ, O.C.; NUNEZ-DOMINGUEZ, R. et al. Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. **Agrociência**, v.41, p.271-282, 2007.

REIS, L.F.S.D. Codornizes, criação e exploração. In: Pastore, S.M.; Oliveira, W.P. de; Muniz, J.C.L. Panorama da coturnicultura no Brasil. **Revista eletrônica nutritime**. vol.9, n.6, p.2041–2049, Nov./Dez.2012.

RESENDE, R. O., MARTINS, E. M., GEORG, P. C. et al. Variance components for body weight in japanese quails (*coturnix* japônica). **Brazilian Journal Of Poultry Science**, v. 7, n. 1, p. 23-24, 2005.

RIBEIRO, J. C. **Estudo genético de períodos parciais de produção de ovos em codornas de corte**. 2010. (Dissertação de mestrado). Universidade Federal de Viçosa, 2010.

RIBEIRO, J. C. **Identidade de modelos não lineares e regressão aleatória para o estudo da curva de crescimento de codornas de corte em diferentes gerações sob seleção**. (Tese de doutorado). Universidade Federal de Viçosa, 2014.

RONDÓN, E. O. O.; MURAKAMI, A. E.; SAKAGUTI, E. S. Computer modeling for poultry production and research. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v. 4, n. 1, p. 00-00, 2002.

ROSSI, R. M.; DE SOUZA GASPARINI, D. C. (2012). O uso de procedimentos estatísticos para comparação da produção de ovos considerando diferentes tratamentos e linhagens de codornas. **Semina: Ciências Exatas e Tecnológicas**, 33(1), 17-26.

SAATCI, M.; DEWI, I.A.P.; AKSOY, A.R. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly live weight in one-to-on sire and dam pedigree recorded Japanese quail. **Journal of Animal Breeding Genetic**, v.120, p. 23-28, 2003.

SAATCI, M.; OMED, H.; DEWI, I.A.P. Genetic parameters from univariate and bivariate analyses of egg and weight traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.85, p. 185-190, 2006.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. et al. Estimación de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando

modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.581-589, 2006.

SARMENTO, J.L.R. **Modelos de regressão aleatória para avaliação genética da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês**. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2007.

SCHAEFFER, L.R. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **Journal Dairy Science**, v.67, p.1567-1580, 1984.

SILVA, E. L.; SILVA, J. H. V.; FILHO, J. J.; et al. Efeito do plano nutricional sobre o rendimento de carcaça de codorna tipo carne. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n.2, p.514-522, 2007.

SILVA, L. P.; LEITE, C. D. S.; SOUSA, F. M.; SILVA, F. G.; RIBEIRO, J. C.; CRISPIM, A.C.; TORRES, R. A. Parâmetros genéticos para pesos corporais de matrizes de codornas de corte. In: VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2010, Maringá: **Anais...Maringá**, 2010, CD-Rom.

SILVA, L. P. **Avaliação genética do crescimento em esquemas alternativos de pesagens e estimação de parâmetros genéticos de características produtivas em codornas de corte**. (Tese doutorado) Viçosa-MG. Universidade Federal de Viçosa, 2010.

SILVA, L. P. **Avaliação genética do crescimento de codornas de corte em esquemas alternativos de pesagens**. Viçosa-MG. Universidade Federal de Viçosa, 2010. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 2010.

SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; COSTA, F.G.P.; et al. Exigências nutricionais de codornas. In: XXI Congresso Brasileiro de Zootecnia- ZOOTEC, 21, 2011, Maceió. **Anais... Maceió: UFAL**, 2011.

STRONG, C.F.; NESTOR, K.; BACON, W. L.; et al. Inheritance of egg production, egg weight, body weight and certain plasma constituents in *Coturnix*. **Poultry Science Journal**, v.57, n.2, p.1-9, 1978.

SUN, L.; HSU, J.S.J.; GUTTMAN, I.; LEONARD, T. Bayesian methods for variance component models. **Journal of the American Statistical Association**, v.91, n.434, 1996. P.743-752.

SWALVE, H.H. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**, v.78, p.929-938, 1995.

TEIXEIRA, B.B. **Estudo genético da produção de ovos em codornas de corte por meio de análises multicaracterísticas e regressão aleatória**. 2011. (Tese de Doutorado). Universidade Federal de Viçosa.

TEIXEIRA, B. B.; EUCLYDES, R. F.; TEIXEIRA, R. B. et al. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural**, v. 43, n. 2, p. 361-365, 2013.

TEIXEIRA, R.B. **Avaliação e estimação de componentes genéticos de características produtivas e da qualidade de ovos de linhagens de codorna de corte**. 2008. 63p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Ciência Rural**, v.39, n.7, p.2261-2269, 2009.

TON, A. P. S.; MARTINS, E. N.; GASPARINO, E. et al. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso corporal em codornas de corte. In: reunião anual da sociedade brasileira de zootecnia, 43, 2006, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006. CD- ROM, Melhoramento Genético Animal.

TORAL, F. L. B., ALENCAR, M. D., & FREITAS, A. D. (2007). Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 36(1), 43-53.

VALI, N.; EDRISS, M.A.; RAHMANI, H.R. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *Int. J. Poult. Sci.*, v.4, p.296-300, 2005.

VAN TASSEL, C.P.; Van VLECK, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 86p.

VAYEGO, S. A., DIONELLO, N. J. L., & FIGUEIREDO, E. A. P. D. (2008). Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de

importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 37(7), 1230-1235.

VELOSO, R. C.; PIRES, A. V.; TIMPANI, V. D. et al. Níveis de proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, 2012.

WEIGEL, D.A.; GIANOLA, D. Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical bayes methods: a simulation study. **Journal of Dairy Science**, v.75, p.2824-2833, 1992.

WINTER, E.M.W. **Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, carcaça e composição corporal de codornas para corte (*Coturnix sp.*)**. 2005. 91f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Curso de Pós-graduação em Zootecnia Universidade Federal do Paraná, PR.

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, n.4, p.1684-1690, 2006.