

1 INTRODUÇÃO

A avicultura brasileira de corte é uma atividade que tem merecido destaque devido aos altos índices de eficiência produtiva. O progresso genético alcançado nas características produtivas de frangos de corte baseia-se em conhecimentos da genética quantitativa, aliados ao avanço computacional e ao desenvolvimento de modelos estatísticos adequados. O melhoramento genético tem proporcionado uma contribuição importante para aumentar a produção e a disponibilidade de carne de frango a um custo reduzido, mas uma tendência à exploração de outras aves como novas opções de fontes protéicas tem surgido como atividade promissora na indústria avícola. O aumento da competitividade na busca de novos mercados pode contribuir de modo decisivo para o estabelecimento de estratégias mais adequadas para o melhoramento genético das espécies a serem exploradas.

A demanda por carne de melhor qualidade de um mercado consumidor cada vez mais exigente, justifica o crescimento expressivo da produção de carne de codorna, que apresenta alto conteúdo protéico e de aminoácidos e baixa quantidade de gordura (MÁS et al., 2004). As codornas são uma alternativa para produtores de aves devido a seu crescimento rápido, maturidade sexual precoce, pequeno intervalo de gerações, alta taxa de produção de ovos, pequenas exigências de espaço e nutricionais, (SINGH; NARAYAN, 2002; MURAKAMI; FURLAN, 2002). Com os excelentes resultados obtidos na exploração de codornas, a coturnicultura exerce importância significativa em vários países, havendo grande aceitabilidade de seus produtos (carne, ovos e derivados) (JONES; HUGHES; HALE, 1979; PANDA; SINGH, 1990; BAUMGARTNER, 1994).

No Brasil, as codornas foram inicialmente utilizadas para produção de ovos, e a produção de carne foi, durante um longo tempo, uma atividade secundária caracterizada pelo abate de machos não utilizados na reprodução e fêmeas de descarte, após o ciclo produtivo. Em geral, as carcaças obtidas eram pequenas e a carne era dura, prejudicando a qualidade do produto. Contudo, com a introdução, em 1996, de

uma variedade européia que atende os requisitos necessários à produção de carne, a exploração para corte começou a difundir-se. Referências bibliográficas citando suas origens ou classificação zoológica não foram encontradas. Estas aves são fenotipicamente muito semelhantes às codornas japonesas, porém apresentam peso vivo compreendido entre 200 e 300 gramas, temperamento mais calmo e maior peso de ovos, mantendo a precocidade de maturação sexual característica das codornas destinadas à produção de ovos (GARCIA, 2002). O potencial da linhagem européia como produtora de carne devido à superioridade de peso de mais de 70% em relação à linhagem japonesa na idade adulta foi constatada por ALMEIDA (2001). A sua exploração vem crescendo no Brasil de maneira considerável. A razão deste sucesso se justifica pela qualidade de sua carne, que apresenta características sensoriais de grande aceitabilidade pelo consumidor (OLIVEIRA et al., 2002).

No entanto, o sucesso econômico da produção de carne não depende apenas de características qualitativas de carcaça. Aspectos quantitativos, como rendimentos e índices produtivos, devem ser considerados. A conformação de carcaça precisa ser melhorada, pois estas aves apresentam baixo rendimento de cortes nobres, como peito e pernas (ALMEIDA et al., 2002). De acordo com OLIVEIRA (2001) os seus índices produtivos são ainda baixos, apresentando altos valores de consumo de ração e conversão alimentar.

Não existe ainda no Brasil qualquer programa de melhoramento de codornas desenvolvido em bases técnicas. A prática corrente tem sido a reprodução do material disponível que, pela deficiência de controle e falta de esquemas de seleção adequados, sofre problemas de depressão pela consangüinidade, resultando em redução de postura, queda de fertilidade e aumento de mortalidade (MARTINS, 2002). Com a perspectiva de formação de linhagens específicas para corte torna-se necessário o desenvolvimento de tais programas para que o potencial zootécnico desta espécie seja otimizado, visando a demanda por um produto de qualidade com baixo custo de produção. O seu êxito depende fundamentalmente da existência de ampla variabilidade genética nas características de valor econômico, da correta interpretação dos efeitos do ambiente e das suas interações com o genótipo e de informações sobre parâmetros genéticos como

herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres. Portanto, é fundamental o conhecimento de estimativas precisas e confiáveis, o que depende não só da acurácia dos dados coletados mas também da escolha do método estatístico mais adequado à realidade biológica da espécie.

Em razão das estimativas de herdabilidade e de correlações entre as características de interesse comercial serem imprescindíveis para se definirem estratégias de seleção e existirem poucos estudos para estimar estes parâmetros genéticos em codornas para corte, o presente estudo propõe-se determinar as estimativas de parâmetros genéticos pelo método Bayesiano, utilizando-se amostrador de Gibbs para as características de interesse econômico de codornas criadas para corte.

2 OBJETIVOS

- Obter estimativas de componentes de (co)variância pelo método Bayesiano, utilizando-se amostrador de Gibbs para as características de desempenho, carcaça e de composição corporal.
- Obter estimativas de herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas pelo método Bayesiano, utilizando-se amostrador de Gibbs para as características de desempenho, carcaça e de composição corporal.
- Construir intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade para as estimativas de componentes de (co)variância, herdabilidade e correlações genéticas.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA

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. 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). Como não se pode medir o valor genético diretamente, e sim o valor fenotípico, utiliza-se de técnicas de estimação. A predição dos valores genéticos é diretamente dependente dos componentes de variância e covariância das características de interesse econômico, sendo fundamentais no melhoramento genético, na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos que serão utilizados como critérios de seleção. Dentre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Com a evolução na área computacional e desenvolvimento de novas teorias ampliou-se a possibilidade de escolha dos procedimentos de estimação de componentes de (co)variância. Entretanto, a opção por um destes métodos não é trivial, especialmente no caso de dados desbalanceados (SEARLE et al., 1992). Nestas situações, diferentes métodos de estimação podem levar a diferentes estimativas de um mesmo parâmetro (MARCELINO; IEMMA, 2000). A adequação do método ao modelo considerado é um fato relevante na escolha do método de estimação, de acordo com MARCELINO (2000). Outros fatores, como as propriedades dos estimadores e tamanho amostral, também devem ser considerados, cabendo ao pesquisador avaliar tais situações.

O método de máxima verossimilhança restrita (REML) generalizado para modelos mistos e desbalanceados por PATTERSON e THOMPSON (1971), tornou-se uma opção bastante atrativa e tem sido amplamente empregado para a estimação de componentes de variância e covariância em melhoramento animal. Esta escolha deve-se não apenas às suas propriedades teóricas desejáveis, mas também ao desenvolvimento de algoritmos computacionais, visando maior facilidade de processamento.

Recentemente, métodos Bayesianos vêm sendo propostos como uma opção na avaliação do mérito genético de animais, possibilitando a obtenção de estimativas pontuais e intervalos de credibilidade para as distribuições *a posteriori* dos parâmetros, sem aproximações ou uso de pressuposições de normalidade, representando uma vantagem sobre os métodos clássicos, também chamados de métodos freqüentistas, como o de máxima verossimilhança restrita (FALCÃO et al., 2004).

Uma diferença fundamental entre as abordagens clássica e Bayesiana é que a clássica considera o parâmetro como uma constante, enquanto a Bayesiana entende o parâmetro como uma variável aleatória que obedece a uma determinada distribuição de probabilidade (BARRETO; ANDRADE, 2000). O freqüentista condiciona nos parâmetros e integra sobre os dados; o Bayesiano condiciona nos dados e integra sobre os parâmetros.

O método Bayesiano é mais flexível do que a técnica de máxima verossimilhança, pois permite testar várias possibilidades para a distribuição *a priori* e escolher aquela que resultar em uma densidade *a posteriori* que melhor se adequa ao problema (BARRETO; ANDRADE, 2000). Assim, inferências sobre parâmetros e valores genéticos podem ser realizadas a partir de amostras dos mesmos. Além disso, com os procedimentos Bayesianos as informações previamente disponíveis sobre os parâmetros, caso existam, podem ser incorporadas na análise.

3.2 INFERÊNCIA BAYESIANA

Com a utilização de técnicas de simulação relativamente simples mas extremamente poderosas, que puderam ser implementadas graças ao avanço nas capacidades computacionais, procedimentos Bayesianos se tornaram mais acessíveis e têm sido empregados em áreas como genética de populações, evolução molecular, mapeamento genético, genética quantitativa e melhoramento animal.

No contexto da inferência Bayesiana, aos parâmetros são atribuídas distribuições de probabilidade, não existindo distinção fundamental entre quantidades observáveis e parâmetros de um modelo estatístico, todos são considerados quantidades aleatórias (GILKS; RICHARDSON e SPIEGELHALTER, 1996). Desta forma, a abordagem Bayesiana consiste na obtenção de uma distribuição de probabilidade, associada aos diferentes valores que o parâmetro de interesse pode assumir, de modo a representar a credibilidade associada a cada um deles, dado o conjunto de dados observado (SHOEMAKER et al., 1998).

A utilização de informação a priori em inferência Bayesiana requer a especificação das distribuições a *priori* dos diferentes parâmetros do modelo. Estas distribuições refletem o conhecimento que se tem sobre os parâmetros desconhecidos antes de avaliar os dados (BOX e TIAO, 1992). O conhecimento a *priori* sobre os parâmetros é modificado por meio da função de verossimilhança ou distribuição amostral que pode ser vista como a representação do que os dados têm a contar a respeito dos parâmetros. Combinando estas duas fontes de informação, a *priori* e verossimilhança, pelo teorema de Bayes, obtém-se a distribuição a *posteriori* conjunta de todos os parâmetros, simultaneamente.

A distribuição a *posteriori* diz como o parâmetro está distribuído após os dados terem sido observados (daí o adjetivo a *posteriori*), e a partir dela várias informações podem ser obtidas e um gráfico da sua função de densidade a *posteriori* é a melhor descrição do processo de inferência. Além disso, podemos resumir a informação contida na *posteriori* por meio de alguns valores numéricos como média, mediana e intervalo de credibilidade (ou intervalo de confiança Bayesiano). Intervalo

de credibilidade é o intervalo em que a densidade para todo ponto pertencente ao intervalo é maior do que para todo ponto não pertencente a ele (BOX e TIAO, 1992). Quanto menor for o tamanho do intervalo mais concentrada é a distribuição do parâmetro, ou seja o tamanho do intervalo informa sobre a dispersão do parâmetro. Outra possibilidade de intervalo é selecionar um subconjunto de valores para o parâmetro com maiores probabilidades a posteriori (regiões de alta densidade).

Como a distribuição a *posteriori* conjunta, em geral, não pode ser obtida em uma forma exata devido às integrações envolvidas, a inferência é baseada em amostras obtidas pelas distribuições condicionais completas a *posteriori*, usando processos de simulação mediante iterações que utilizam os métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), como o algoritmo amostrador de Gibbs (CASELA e GEORGE, 1993). As distribuições condicionais completas correspondem à distribuição de um parâmetro específico, sendo os outros valores dos parâmetros no modelo considerados conhecidos ou fixados, e são necessárias para cada parâmetro a ser estimado (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996).

3.2.1 Amostrador de Gibbs

Monte Carlo via cadeias de Markov é um método iterativo que não faz suposição sobre a forma da distribuição a *posteriori*. Este método, baseado na obtenção de uma amostra de valores dos parâmetros, procura aproximar a distribuição a *posteriori*, que é a distribuição de interesse. Uma vez alcançada a chamada distribuição a *posteriori* estacionária após um longo e suficiente período de iterações, qualquer amostra que se tome desta distribuição, será considerada como uma amostra da verdadeira distribuição a *posteriori* dos parâmetros.

As amostras são obtidas seqüencialmente, com a distribuição dos valores dependendo apenas do último valor amostrado e, portanto, formando uma cadeia de Markov, sendo assim as amostras sucessivas são dependentes entre si, devido à correlação entre os valores amostrais gerados. Um dos métodos utilizados na construção de cadeias de modo que a distribuição estacionária seja a distribuição de interesse é o Amostrador de Gibbs, que faz parte de um conjunto de processos iterativos, referentes aos métodos de Monte Carlo, baseado em cadeias de Markov.

O amostrador de Gibbs foi proposto inicialmente dentro do contexto de reconstrução de imagens por Geman e Geman (1984). Posteriormente, outros trabalhos como o de Gelfand e Smith (1990) contribuíram para o desenvolvimento desta metodologia, revelando seu potencial em uma ampla gama de aplicações estatísticas. A idéia desse amostrador é a de, sucessivamente, retirar amostras da distribuição de cada *i*-ésimo componente do vetor de parâmetros, sendo os outros valores dos parâmetros no modelo considerados conhecidos ou fixados. Assim, o amostrador de Gibbs consiste em retirar amostras de distribuições condicionais completas (GIOLO, 2003).

A aplicabilidade deste algoritmo pode também ser feita em situações de conjuntos de dados maiores que os permitidos pela metodologia de máxima verossimilhança restrita e também em modelos mais complexos (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1996).

Na metodologia Bayesiana, via amostrador de Gibbs, aspectos importantes como tamanho da cadeia, período de descarte e intervalo amostral requerem cuidados e são apresentados a seguir:

- Tamanho da cadeia de Gibbs

O algoritmo de Gibbs produz uma cadeia de amostra de tantas iterações quantos forem especificadas. Segundo GAMERMAN (1996) à medida que o número de iterações aumenta, a cadeia se aproxima de sua condição de equilíbrio. Assim, assume-se que a convergência é atingida em uma iteração cuja distribuição esteja arbitrariamente próxima da distribuição de equilíbrio.

Uma das maiores dificuldades é a verificação empírica de convergência da cadeia à distribuição de equilíbrio. Algumas das propostas de verificação de convergência da cadeia à distribuição de equilíbrio são os métodos de verificação formal de convergência baseados em propriedades estatísticas. Vários métodos foram sugeridos sendo descritos aqui apenas os métodos de Geweke, Raftery e Lewis e de Heidelberger e Welch.

- Geweke

O método propõe um diagnóstico de convergência para cadeias de Markov baseado num teste de igualdade de médias da primeira (10%) e última parte da cadeia (50%). Quando a diferença padronizada entre as médias for muito grande, existe indicação de não convergência.

- Raftery e Lewis

Neste método determina-se um número mínimo de iterações necessárias para que as amostras da cadeia sejam independentes e a convergência seja alcançada. O número de iterações sugerido pelo método é baseado no valor da variância da distribuição binomial e a estatística do teste é dada por:

$$I = \frac{N}{N_{\min}}$$

sendo:

N o número de iterações;

N_{\min} o número de iterações sugerido pelo método.

Se o valor de I for próximo de 1 a cadeia converge. Segundo os autores se $I > 5$ provavelmente a cadeia apresenta problemas de convergência (BORGATTO, 2004).

- Heidelberger e Welch

A convergência da cadeia é verificada por meio de dois testes simultaneamente. O primeiro teste usa a estatística de Cramer-von-Mises, a qual verifica a estacionaridade da cadeia. Caso a cadeia seja estacionária, calcula-se um intervalo de confiança de 95% de probabilidade para o valor médio da cadeia, verificando-se que a convergência ocorre para os casos em que a amplitude entre o valor médio da cadeia e o limite superior do intervalo de confiança for menor do que 0,10 (BORGATTO, 2004).

Uma outra forma de verificar a convergência é a utilização de várias cadeias em paralelo começando de valores iniciais diferentes para cada componente de (co)variância. A verificação visual de similaridade entre as trajetórias das cadeias após algumas iterações é indício forte de convergência. Baseado nesta idéia Gelman e Rubin propuseram métodos formais de detecção de convergência baseados em técnicas de análise de variância e preconizam a convergência da cadeia apenas quando a

variância entre as cadeias for bem menor do que a variância dentro de cada cadeia (GAMERMAN, 1996).

A monitoração pode ser feita também por meio de análise gráfica dos valores gerados da distribuição a *posteriori*. Se a trajetória de uma única cadeia ao longo das iterações se aproxima de um valor constante pode se concluir pela convergência da cadeia. Essas técnicas de monitoração devem ser usadas com muita cautela e sempre acompanhadas de alguma fundamentação teórica.

- Período de descarte amostral

Segundo MAGNABOSCO et al. (2001) este período representa o número de iterações que deve ser desprezado antes que as amostras produzidas pelo algoritmo de Gibbs possam ser consideradas amostras da distribuição a *posteriori*. Essas iterações de descarte são, em geral, chamadas de etapa de “aquecimento”, ou “burn-in” e diminuem a influência dos valores iniciais dos parâmetros atribuídos no início da análise (NOGUEIRA et al., 2003)

- Intervalo amostral

De acordo com GAMERMAN (1996) após a convergência, todos os valores gerados são provenientes da distribuição de equilíbrio (distribuição a *posteriori*) e formam uma cadeia de Markov, portanto, não são independentes. Isso não afeta as estimativas mas tem influência sobre as variâncias das estimativas resultantes desse procedimento. Após um número apropriado de espaçamento entre iterações, tem-se independência entre os valores considerados. A dependência decai com o aumento da distância entre iterações. Assim, o intervalo amostral é de fundamental importância para que as amostras das estimativas de parâmetros genéticos não apresentem correlação serial, ou seja, dependência.

3.3 HERDABILIDADES

A herdabilidade é definida como a proporção da variância fenotípica que é devida às variações de natureza genética. Uma de suas finalidades é a de predizer, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para condução de um programa de melhoramento, e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude. A herdabilidade é uma propriedade não apenas da característica, mas também da população e das circunstâncias ambientais às quais os indivíduos são submetidos. O valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância; uma mudança nestes componentes influencia este valor (FALCONER, 1987).

Estimativas de herdabilidade para características de desempenho foram descritas em alguns trabalhos, especialmente para a característica peso corporal a diferentes idades. AGGREY e CHENG (1994), ao avaliarem o peso corporal na eclosão, aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,12 a 0,44. Na eclosão, aos 14 e aos 28 dias de idade as estimativas de herdabilidade obtidas foram moderadas (0,38, 0,31 e 0,44, respectivamente). Assim, os autores sugerem que a seleção para estes pesos pode ter resultados satisfatórios. De acordo com estes autores as herdabilidades de ganhos de peso variaram de 0,17 a 0,45, sendo as mais altas na segunda e quarta semana de idade. Num estudo com codornas japonesas para corte SAATCI, DEWI e AKSOY (2003), obtiveram pelo método de máxima verossimilhança restrita estimativa de herdabilidade alta para peso a eclosão (0,51). Estes autores encontraram valores de herdabilidades de 0,32, 0,20, 0,21, 0,20, 0,15 e 0,14 para os pesos aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade, respectivamente. MICHALSKA (1993), em estudo com uma população de codornas japonesas acompanhada por quatro gerações de cruzamentos aleatórios, obteve herdabilidades que variaram de 0,39 a 0,46 em diferentes idades. Para a característica peso aos 28 dias, NARAYAN et al. (1996) encontraram valor alto de herdabilidade (0,74). A estimativa de herdabilidade para peso à sexta semana de

idade foi alta (0,61) de acordo com SHAHIN et al. (2000). Pesquisas de TOELLE et al. (1991) relataram herdabilidade para peso aos 34 dias de 0,59. Em trabalho realizado com codornas japonesas, estimativas de herdabilidade para pesos corporais de machos de 35 a 56 dias foram, geralmente, de moderadas a altas (SEFTON; SIEGEL, 1974). As herdabilidades para consumo alimentar e conversão alimentar foi avaliado por ETSE (1990) em seis linhagens, e estas apresentaram valores de 0,29 e 0,08, respectivamente.

Estimativas de herdabilidade de características de conformação como comprimento de coxa e canela medidas na quarta e sexta semanas e ângulo do peito na sexta semana de idade em três linhagens foram relatadas por MANDAL et al. (1994). Estas estimativas variaram de 0,10 a 0,52, sendo mais altas na quarta semana. Para ângulo de peito as estimativas variaram de 0,32 a 0,50. Estimativas de herdabilidade de 0,51 a 0,63 para as características peso corporal, peso muscular e características de esqueleto (peso, comprimento, largura e altura) de codornas japonesas com oito semanas de idade foram relatadas por SATO et al. (1989). Estudos de TOELLE et al. (1991) relataram estimativas de herdabilidade moderadas para pesos de peito e perna. Dentre as características estudadas por estes autores, os pesos do *pectoralis minor* e *pectoralis major* apresentaram valores de herdabilidade de 0,10 e 0,40, respectivamente. Aos 42 dias de idade, características de carcaça foram avaliadas por MANDAL et al. (1995). Neste experimento rendimento de peso pós-sangria, rendimento de vísceras e rendimento de carcaça (sem pele) apresentaram baixas herdabilidades. Segundo os autores as baixas herdabilidades são provavelmente devidas à existência de uma grande variação de fatores ambientais.

Dentre as características de composição corporal, alguns trabalhos foram desenvolvidos para estimação de herdabilidade. Num estudo com 279 machos e 305 fêmeas KAWAHARA e SAITO (1976) encontraram estimativas de herdabilidade de pesos de vários órgãos internos que variaram, em machos, de 0,17, para peso de intestino, a 0,74, para peso de testículo. Com relação ao peso destes órgãos internos em fêmeas, os valores de herdabilidades variaram de 0,18, para peso de intestino, a 0,54 para peso de oviduto. Para pesos de coração, fígado e moela as estimativas de

herdabilidade para machos foram de moderadas a altas e maiores que as estimativas de herdabilidade para fêmeas. A herdabilidade do peso do fígado de fêmeas foi mais alta. Pesquisas de TOELLE et al. (1991) relataram estimativas de herdabilidade para pesos do coração, fígado e moela que variaram de 0,17 para peso do fígado a 0,63 para peso da moela. Para gordura abdominal a herdabilidade obtida por estes autores foi de 0,45.

Avaliando duas linhagens de codornas japonesas (baixo e alto peso do ovo) para peso do ovo NODA et al. (2003) encontraram valores de herdabilidades para peso do ovo de 0,50 e 0,11 para a linhagem de baixo peso e alto peso do ovo, respectivamente. AMIT et al. (2000) encontraram estimativas de herdabilidade altas para as características idade ao primeiro ovo, peso do primeiro ovo e peso do ovo às 12 semanas de idade de codornas japonesas. Estimativas de parâmetros genéticos para características de produção em codornas japonesas de duas linhagens (produção de ovos e produção de carne) foram descritas por MANDAL et al. (1994). Neste trabalho foram relatadas estimativas de herdabilidade de 0,39 e 0,68 para idade à maturidade sexual, 0,26 e 0,18 para produção de ovos e 0,56 e 0,57 para peso do ovo, respectivamente para as linhagens de produção de ovos e produção de carne. As herdabilidades obtidas por ROY; KOLEY; CHOUDHURI (1992) foram 0,31 para idade à maturidade sexual, 0,29 para peso na maturidade sexual e 0,11 para produção de ovos. Informações levantadas por MINVIELLE (1998) indicaram valores de herdabilidade 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.

3.4 CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS

Segundo VIANA et al. (2000), programas de melhoramento genético necessitam de acompanhamento das características de importância econômica. A partir destes estudos é que os critérios de seleção são estabelecidos para garantir a renovação dos plantéis com animais de potencial genético superior geração após geração. A importância do estudo de correlações está em analisar o impacto que a seleção para determinada característica pode causar em outras características.

A correlação genética entre duas características é a correlação entre os efeitos dos genes que as influenciam (PIRCHNER, 1983). Esta correlação pode ser positiva, quando ambas as características aumentam ou diminuem ou negativa, e neste caso ocorre o acréscimo de uma e decréscimo da outra. O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção de um deles é dificultada, em razão da baixa herdabilidade ou de dificuldades de mensuração e identificação (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Com relação a características de desempenho foram descritos alguns trabalhos, especialmente para a característica peso corporal a diferentes idades. Com a utilização do método de máxima verossimilhança restrita não derivativa, AGGREY e CHENG (1994), ao avaliarem o peso corporal na eclosão, aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, encontraram estimativas de correlações genéticas que variaram de 0,14 a 0,88 sugerindo que a seleção do peso corporal às duas semanas possibilita a melhora do peso corporal às quatro semanas. Os ganhos de peso, de acordo com estes autores, apresentaram correlações genéticas que variaram de -0,45 a 0,49. Fatores de ambiente comum associados ao ganho de peso na primeira semana podem ser a causa de correlações genéticas negativas com os períodos posteriores (terceira e quarta semana). As correlações fenotípicas para estas características foram positivas. Em trabalho realizado com duas gerações de codornas japonesas para estimar parâmetros genéticos de pesos corporais, SEFTON e SIEGEL (1974) encontraram correlações genéticas negativas entre peso no primeiro dia (influenciada também pelo peso do ovo) e pesos semanais de 35 a 56 dias de idade, em machos. Todas as correlações fenotípicas foram

positivas e a magnitude geralmente teve um decréscimo à medida que aumentou o intervalo de tempo entre as idades. Assim, os autores comentam que alguns dos genes que controlam peso corporal diferem nas diferentes idades e que a importância de certos genes muda com a idade do animal. Correlações obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita foram descritas por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003). Neste estudo com codornas japonesas para corte foram encontradas correlações genéticas altas entre os pesos semanais da eclosão até a sexta semana, sendo que as mais fortes foram entre a primeira e terceira semana ($0,98 \pm 0,11$) e segunda e terceira semana ($0,97 \pm 0,08$). De acordo com os resultados a seleção para peso na quinta ou sexta semana pode ser baseada nos pesos anteriores. As características de peso vivo a diferentes idades apresentaram correlações genéticas positivas entre si, sendo que as maiores foram na terceira e quarta semana ($0,514 \pm 0,176$), segundo KUMAR et al. (2002) num estudo com codornas japonesas. Observaram ainda correlações ambientais e fenotípicas positivas entre os pesos. Avaliando diferentes linhagens BRAH, CHAUDHARY e SANDHU (1997) relataram correlações genéticas de 0,76 e 0,99 entre pesos corporais às segunda e sexta semanas e quarta e sexta semanas, respectivamente, e estas foram mais altas do que as correspondentes correlações fenotípicas (0,42 e 0,72). A seleção em pesos anteriores é possível devido à alta herdabilidade desses pesos e altas correlações genéticas entre esses e pesos registrados em idades posteriores (KOCÁK et al., 1995). De acordo com OGUZ, AKBAS e ALTAN (2001) os pesos corporais na maturidade sexual foram altamente correlacionados aos pesos corporais juvenis em duas linhagens de codornas japonesas.

A redução de custos com alimentação é fator importante na produção animal. Assim sendo, faz-se necessário avaliação de características como consumo, conversão e eficiência alimentar. MICHALSKA (1993), em estudo com uma população de codornas japonesas seguidas por quatro gerações de cruzamentos aleatórios, observou correlações genéticas positivas entre peso corporal e consumo alimentar e entre taxa de crescimento e consumo alimentar e correlação negativa de peso corporal com taxa de conversão alimentar. O caráter consumo alimentar também foi avaliado por ETSE

(1990) em seis linhagens, apresentando correlações genéticas positivas com peso corporal. A seleção por quatro gerações em uma linhagem de baixa taxa de conversão alimentar dos 15 aos 30 dias resultou em um decréscimo na taxa de conversão alimentar, associado ao decréscimo no peso aos 14 dias, no consumo alimentar e na gordura abdominal (SUTEDJO; PYM, 2002).

Características de conformação medidas na quarta e sexta semanas de idade em três linhagens foram descritas por MANDAL et al. (1994). Neste trabalho foram relatadas correlações genéticas e ambientais positivas entre comprimento de coxa, canela, quilha e profundidade corporal e correlações genéticas e ambientais negativas dessas características com ângulo do peito. A estimativa de correlação genética foi alta e positiva entre os caracteres comprimento da canela e peso corporal de acordo com SHAHIN et al. (2000). Correlações genéticas e fenotípicas altas e positivas entre peso corporal, peso muscular e características de esqueleto (peso, comprimento, largura e altura) de codornas japonesas com oito semanas de idade foram relatadas por SATO et al. (1989). Baseado nos resultados, os autores sugerem que o peso corporal, peso muscular e características de esqueleto podem ser melhorados e que as características esqueléticas são úteis para identificação de linhagens e monitoramento genético em codornas japonesas.

Os aspectos relacionados a carcaça de animais especializados para corte devem ser conhecidos, para que estratégias de melhoramento sejam conduzidas no sentido de aumentar a eficiência produtiva e a satisfação dos consumidores. No que diz respeito a características de carcaça, como pesos da carcaça, de peito e de coxas e gordura abdominal alguns trabalhos foram descritos. Correlações genéticas e fenotípicas positivas entre peso de carcaça, peso do peito e peso de coxa foram estimadas por ODUZ e TÜRKMUT (1999), após três gerações de seleção para alto peso corporal às quatro semanas. Aos 42 dias de idade, características de carcaça foram avaliadas por MANDAL et al. (1995). Neste experimento a correlação genética estimada entre rendimento de peso pós-sangria e rendimento de vísceras foi de $0,98 \pm 0,03$ e entre rendimento de peso pós-sangria e rendimento de carcaça a correlação genética foi alta e negativa ($-0,91 \pm 0,06$). Também foram estimadas correlações

genéticas altas e positivas entre peso corporal e rendimento de peso pós-sangria, rendimento de vísceras e rendimento de carcaça, no entanto as correlações fenotípicas entre estas características foram baixas. Com o objetivo de construir índices de seleção, SHAHIN et al. (2000) encontraram correlações genéticas negativas entre peso corporal e rendimento total dos ossos e peso da carcaça. Pesquisas de TOELLE et al. (1991) relataram correlações genéticas positivas entre as características de peso corporal e outras medidas de carcaça (peso de coxa, peso de sobrecoxa, músculo do peito). Dentre as características estimadas, peso de gordura abdominal com peso de *pectoralis minor* e com peso do músculo total do peito apresentaram correlações genéticas negativas e entre os pesos de *pectoralis major* e *pectoralis minor*, a correlação genética encontrada foi de 0,77. Apesar destes resultados a seleção para aumento do peso do músculo do peito pode causar um aumento desproporcional em ambos os pesos dos músculos *pectoralis*. A seleção intensa para alto peso ocasionou também aumento de gordura abdominal (SADJADI; BECKER, 1980; CHAMPION et al., 1982; GARWOOD; DIEHL, 1987; MARKS, 1990; TOELLE et al., 1991), sendo um fator indesejável para o consumidor. Na comparação de uma linhagem selecionada para alto peso corporal às quatro semanas com um controle não selecionado, diferenças entre as linhagens no conteúdo lipídico da carcaça e do fígado em machos foram encontradas por OGUZ et al. (1996). WYATT, SIEGEL e CHERRY (1982) também constataram correlação positiva entre peso corporal e porcentagem de gordura da carcaça. De acordo com AKSIT et al. (2003) correlações genéticas favoráveis entre peso de carcaça, gordura abdominal, eficiência alimentar e consumo alimentar foram estimadas.

Em codornas as vísceras não são aproveitadas devido ao seu reduzido tamanho; portanto é economicamente desejável que o peso corporal seja correlacionado negativamente com o dos órgãos internos. Porém, o aumento do peso corporal deve ser proporcional ao aumento de órgãos internos para prevenir insuficiências funcionais. Deste modo, a investigação de associações entre peso de órgãos internos e peso corporal é importante na produção industrial. Num estudo com 279 machos e 305 fêmeas KAWAHARA e SAITO (1976) encontraram correlações

genéticas e fenotípicas altas entre peso corporal e peso da massa muscular. Com relação a peso de órgãos internos, tanto o fígado quanto o coração mostraram correlações genéticas altas e positivas com o peso do rim e com peso do intestino. MAEDA, OKAMOTO e HASHIGUCHI (1986) também relataram correlações genéticas positivas entre peso corporal e peso do fígado. As correlações genéticas entre os vários órgãos medidos (coração, fígado e moela) foram positivas e moderadas de acordo com TOELLE et al. (1991). Ainda segundo estes autores entre gordura abdominal e peso do coração a correlação genética foi negativa. MARKS (1990) obteve correlação alta entre gordura abdominal e peso dos testículos; esta forte relação foi mais acentuada antes da maturidade do que em outras idades. Após 40 gerações de seleção bidirecional para frequência de cruzamentos em machos de codornas japonesas, YANG, DUNNINGTON e SIEGEL (1998) relataram como respostas correlacionadas de frequência alta de cruzamentos, maior peso corporal e maiores glândulas cloacais.

Apesar de que em codornas exista pouca informação disponível, em outras espécies de aves programas de melhoramento genético visando maior velocidade de ganho de peso, alta eficiência alimentar e maior rendimento de carcaça obtiveram, como resposta correlacionada, aumento na incidência de algumas patologias, entre elas sensibilidade ao estresse calórico, síndrome da morte súbita, ascite e discondroplasia tibial (CHAMBERS, 1995). Além destas complicações, também diminuição da eficiência reprodutiva está associada à intensa seleção para ganho de peso e conversão alimentar (MCCARTHY; SIEGEL, 1983; SIEGEL; DUNNINGTON, 1985).

Várias pesquisas com características produtivas e reprodutivas têm sido conduzidas. Codornas japonesas selecionadas para alto peso às quatro semanas apresentaram menor eficiência de acasalamento, causando uma menor fertilidade (BLOHOWIAK et al., 1984). Também de acordo com MARKS (1996) este tipo de seleção afetou positivamente a idade de postura do primeiro ovo e o peso do ovo e negativamente a porcentagem de fertilidade, a produção de ovos e a eclodibilidade. UDDIN, PAUL e HUQUE (1994) também notaram correlação genética negativa do peso do ovo com fertilidade e correlação positiva com o peso da ave. A produção de

ovos com peso corporal e com peso do ovo também foram avaliadas em outros estudos. Segundo NESTOR et al. (1987) após 15 gerações de seleção para peso corporal, a produção de ovos decresceu significativamente. Pesos do ovo também foram correlacionados negativamente com a produção de ovos (MINVIELLE, 1998; AMIT et al., 2000).

No que se refere à maturidade sexual, correlações genéticas negativas entre esta com peso do ovo foram descritas por PRAHARAJ, AYYAGARI e MOHAPATRA (1990). Tanto estes autores como DHALIWAL, CHAUDHARY e BRAH (2002) e MINVIELLE et al. (2002) notaram também correlação genética negativa entre maturidade sexual e produção de ovos. AMIT et al. (2000) determinaram parâmetros genéticos de algumas características produtivas e reprodutivas em codornas japonesas. Segundo os autores as estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre a idade ao primeiro ovo com peso do primeiro ovo e com peso do ovo às 12 semanas foram positivas, enquanto a idade ao primeiro ovo foi correlacionada negativamente com a produção de ovos às 12 semanas. Dimorfismo sexual às quatro semanas de idade apresentou correlação genética positiva com peso corporal na maturidade sexual e peso do ovo e correlação genética negativa com o número de ovos (EL-DEEN, 1999).

Com o aumento da idade à maturidade sexual, um aumento do peso corporal também foi observado e a correlação genética positiva entre estes dois critérios foi estimada em muitos trabalhos (ROY; KOLEY; CHOUDHURI, 1992; GUNES; CERIT, 2001; AKTAN et al., 2003). Na comparação da linhagem de corte com a japonesa um retardo no amadurecimento sexual na linhagem de corte foi observado por ALMEIDA (2001). Em experimento conduzido por REDDISH, NESTOR e LILBURN (2003) para avaliar o efeito da seleção para peso corporal no início da reprodução em duas linhagens (uma linhagem para alto peso e uma linhagem controle não selecionada) com dados coletados sob duas consecutivas eclosões foram encontradas correlações genéticas positivas e significativas entre peso e idade na maturidade sexual na linhagem controle e apenas na segunda eclosão da linhagem para alto peso. Com base nos resultados os autores sugerem que a seleção para crescimento

é muito eficaz em termos de aumento geral do peso corporal em certa idade, entretanto, tem alterado algumas ligações fisiológicas que são decisivas no desenvolvimento sexual em termos de idade.

Avaliando duas linhagens de codornas japonesas (baixo e alto peso do ovo) NODA et al. (2003) encontraram correlações genéticas e fenotípicas positivas entre peso do ovo e peso corporal em ambas as linhagens. Segundo estes autores o peso corporal pode responder melhor à seleção para o aumento do tamanho padrão dos ovos do que uma seleção direta no peso dos ovos.

A seleção para alto peso corporal às quatro semanas resultou em um aumento no tamanho dos ovos, segundo NESTOR e BACON (1982) e DHALIWAL; CHAUDHARY e BRAH (2002). Também, considerando o peso do ovo SHANAWANY (1987) verificou correlação fenotípica alta deste com peso na eclosão. Um experimento para estimar parâmetros genéticos de características associadas com ovo indicou correlações genéticas e fenotípicas altas entre peso do ovo para comprimento e largura do ovo (EDRIS; ALIVERDI, 2000). Com relação a qualidade interna dos ovos ADEOGUN, MBAP e ABDUL (2003), observaram correlações genéticas de moderadas a altas.

4 MATERIAL E MÉTODO

4.1 LOCALIZAÇÃO E DURAÇÃO

O experimento foi conduzido nas instalações do Setor de Aves Alternativas da Fazenda Experimental Cangüiri da Universidade Federal do Paraná, no período de 22 de abril de 2004 a 3 de dezembro de 2004.

4.2 ANIMAIS

Para formação da geração dos pais foram adquiridos 670 pintos de codornas para corte (335 machos e 335 fêmeas) de origem européia, com um dia de idade, da Granja Suzuki, localizada em Itaquera, SP. O grupo de animais utilizado neste estudo foi de base genética ampla. Com a reprodução desta geração obteve-se a primeira geração para formação do banco de dados (Figura 1).

FIGURA 1 - GERAÇÃO DOS PAIS E 1ª GERAÇÃO



4.3 INSTALAÇÕES, EQUIPAMENTOS E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO

Neste trabalho foram utilizados dois galpões de alvenaria semi-abertos, sendo um deles destinado à criação de codornas e outro para a reprodução das aves. Os galpões possuíam mureta lateral de 40 cm de altura sendo telados até ao teto com tela de duas malhas por polegada. Nas laterais foi colocado cortinado móvel duplo de polipropileno para permitir um adequado controle térmico.

Os pintos sexados foram alojados no galpão de criação. Durante sete dias foram criados em círculos de proteção revestidos com cama de maravalha e providos com campânula a gás, propiciando uma temperatura de 32 °C a 35 °C. Nos primeiros dias esta cama foi recoberta com papel rugoso absorvente (Figura 2).

FIGURA 2 – SISTEMA DE CRIAÇÃO EM PISO



Em cada círculo foram distribuídos comedouros do tipo bandeja plástica e bebedouros tipo copo de pressão, cuja área de abertura foi reduzida com bolinhas de gude para evitar o afogamento das aves (Figura 3). Depois de 15 dias os comedouros foram substituídos por comedouros lineares do tipo calha, semi-automáticos.

FIGURA 3 - BEBEDOUROS TIPO COPO DE PRESSÃO, COM BOLINHAS DE GUDE PARA EVITAR O AFOGAMENTO DAS AVES



Com sete dias de idade as aves de cada sexo foram aleatoriamente distribuídas em duas baterias de quatro andares. Cada andar foi subdividido em duas gaiolas de 1,00 m de comprimento, 0,80 m de largura e 0,35 m de altura, totalizando oito gaiolas por bateria. Em cada gaiola foram alojadas 38 codornas separadas por sexo (Figura 4).

FIGURA 4 – SISTEMA DE CRIAÇÃO EM BATERIAS



Até aos 21 dias de idade, cada gaiola continha um sistema de aquecimento por meio de lâmpada incandescente de 75 watts, propiciando uma temperatura de 32 °C a 35 °C. A alimentação foi fornecida à vontade, com uma ração única, farelada, com 24% de proteína bruta e 2900 Kcal de energia metabolizável, baseada nas recomendações do NRC (1994) para codornas em fase de crescimento. A composição percentual e calculada da ração experimental encontra-se na Tabela 1.

TABELA 1 - COMPOSIÇÃO PERCENTUAL E VALORES CALCULADOS DA RAÇÃO EXPERIMENTAL

INGREDIENTES	%
Milho, moído	52,06
Farelo de soja	33,20
Óleo de soja	1,16
Milho, glúten	7,00
Fosfato bicálcico	1,10
Calcário calcítico	1,14
Inerte	3,26
Sal (NaCl)	0,30
Suplemento vitamínico-mineral ¹	0,50
DL – Metionina	0,08
L – lisina	0,20
Total	100,00
Composição calculada	
Energia metabolizável (kcal/kg)	2904
Proteína bruta (%)	24,07
Fibra (%)	3,15
Gordura (%)	3,34
Sal (%)	91,93
Metionina (%)	0,50
Metionina + Cistina (%)	0,89
L-Lisina (%)	1,30
Cálcio (%)	0,80
Fósforo disponível (%)	0,30
Sódio (%)	0,16

¹Suplemento vitamínico-mineral Codormix para codornas nas fases de crescimento e produção – Nutremix Premix Rações Ltda., Monte Alto-SP-Brasil.

Com o objetivo de reduzir o desperdício a ração foi fornecida em duas refeições diárias, de acordo com a idade das aves e com próprio consumo. A sobra foi peneirada e vertida sobre a nova ração.

Aos 35 dias de idade 108 machos e 216 fêmeas, sorteados aleatoriamente, foram alojados no galpão de reprodução para se adaptarem ao novo ambiente. As aves continuaram sendo alimentadas com a mesma ração.

As gaiolas de reprodução foram estruturadas num sistema de pirâmide distribuídas em dez baterias de quatro andares (Figura 5). Cada andar foi subdividido em cinco gaiolas de 32 cm de comprimento, 38 cm de profundidade e 16 cm de altura, totalizando 20 gaiolas por bateria. Cada gaiola alojou um macho e duas fêmeas e foi provida de um bebedouro de copo do tipo plasson. Em cada andar foi utilizado um comedouro linear do tipo calha. Foi adotado um programa de iluminação com foto período de 17 horas.

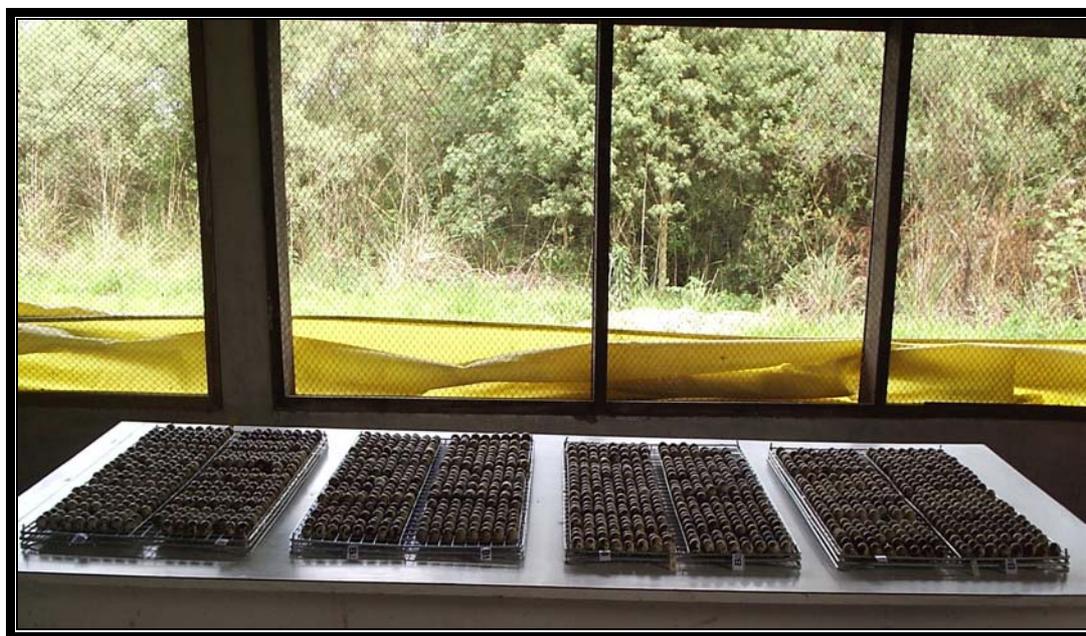
FIGURA 5 – GAIOLAS DE REPRODUÇÃO



Para assegurar que todas as aves estivessem num estágio adulto estabilizado, garantindo a qualidade dos ovos para incubação, a coleta de ovos, destinados à incubação para dar origem à primeira geração, teve início na 34ª semana, embora a maturidade sexual se dê em torno dos 42 dias. Durante este período a produção de ovos foi avaliada.

Alguns dias antes da coleta dos ovos as fêmeas foram separadas para possibilitar a identificação das mães. A coleta de ovos foi realizada por oito dias subseqüentes, às 8:30 horas, totalizando 1435 ovos (Figura 6). Estes ovos foram acondicionados até ao término do período de oito dias em bandejas de isopor, e armazenados em sala de ovos, climatizada com temperatura de 15 °C a 18 °C e umidade relativa de 70 a 80%. Diariamente foram feitas três viragens das bandejas. Os ovos foram incubados por um período de 14 dias, à temperatura de 37,3°C a 37,5°C e umidade de 70%.

FIGURA 6 – TOTAL DE OVOS COLETADOS EM OITO DIAS



Segundo AGGREY e CHENG (1994) ovos de cada fêmea apresentam forma específica e padrão de cor, durante a coleta dos ovos esta informação foi possível de ser verificada (Figura 7).

FIGURA 7 - PADRÃO DOS OVOS, CADA COLUNA CORRESPONDE UMA FÊMEA



Após este período, os ovos de cada casal foram colocados em sacos de filó, devidamente fechados para garantir a identidade de cada ave recém-eclodida. Estes foram transferidos para o nascedouro onde permaneceram durante 3 dias com temperatura de 37 °C e umidade de 88%. Decorridas as primeiras 24 horas da eclosão, as 1179 aves anilhadas foram alojadas em 50 gaiolas no galpão de criação até aos 49 dias. Em cada gaiola foram alojadas duas famílias de meio-irmãos contendo irmãos

completos. A condução do experimento seguiu os procedimentos descritos para a geração dos pais.

4.3.1 Controle da Genealogia

Durante todo o experimento houve um rigoroso controle da genealogia. Na fase de coleta, os ovos foram devidamente identificados quanto à origem (Figuras 8 e 9); na transferência para o nascedouro foram colocados em sacos de filó de acordo com a identificação (Figura 10).

FIGURA 8 – OVO IDENTIFICADO, REPRODUTOR 1 E FÊMEA 1



FIGURA 9 – OVOS IDENTIFICADOS



FIGURA 10 - SACO DE FILÓ, CONTENDO IDENTIFICAÇÃO EM NÚMERO



Ao nascimento, cada ave foi identificada por dois sistemas de numeração:

- Colar feito com elástico de silicone no pescoço (Figura 11).
- Etiqueta colante na perna (Figura 12).

FIGURA 11 - COLAR FEITO COM ELÁSTICO DE SILICONE NO PESCOÇO



FIGURA 12 - ETIQUETA COLANTE NA PERNA



Este número identificava a ave com relação ao pai, à mãe e ao indivíduo em questão, possibilitando o acesso a todas as informações necessárias para a identificação da ave e sua genealogia. Ambos os sistemas apresentaram problemas. O primeiro, causando um desconforto nas aves e prejudicando a alimentação, devido a sua entrada na boca (Figura 13). O segundo descolou devido ao calor.

FIGURA 13 - COLAR FEITO COM ELÁSTICO DE SILICONE, NA BOCA



No quarto dia após o nascimento optou-se pela remoção dos colares das aves que ainda não tinham perdido a etiqueta colante. Um novo anilhamento feito com "arames de pão" foi realizado (Figura 14). Nesta fase de colocação da nova anilha, 57 codornas perderam sua identificação e foram excluídas do trabalho. Devido ao crescimento rápido das codornas, aos 21 dias de idade a anilha "arames de pão" foi substituída por outra com o mesmo número de identificação.

FIGURA 14 - ANILHAS "ARAMES DE PÃO"



4.3.2 Coleta dos Dados

A avaliação do desempenho produtivo das aves foi por meio de pesagens individuais semanais, até aos 49 dias (Figura 15). Ao longo do período mais algumas aves perderam a identificação, sendo excluídas. A mortalidade durante este período foi de 13,40%. A sexagem foi realizada aos 35 dias pela plumagem.

FIGURA 15 - PESAGENS INDIVIDUAIS SEMANAIS



Aos 35 dias foi realizada seleção divergente (alto e baixo peso) para a escolha dos reprodutores a serem utilizados na continuação da pesquisa. Uma vez identificadas, estas aves continuaram no experimento até aos 49 dias, quando todos os animais foram pesados pela última vez. Das aves não selecionadas como reprodutores

foram sorteadas aleatoriamente 177 aves para avaliação de características de carcaça e peso de órgãos. Estas aves foram pesadas individualmente e abatidas após dieta hídrica de 8 horas.

O sacrifício foi realizado por decapitação entre os ossos occipital e atlas, feita com tesoura. As aves foram sangradas por 2 minutos em cone apropriado ao abate de codornas e escaldadas por 20 a 40 segundos a uma temperatura de 53 a 55°C (Figura 16).

FIGURA 16 - AVE ESCALDADA



A depena foi mecânica, por 20 segundos (Figura 17). As aves foram evisceradas por meio de corte dorsal realizado com tesoura, partindo da cloaca até ao pescoço.

FIGURA 17 - DEPENADEIRA MECÂNICA



Foram registrados:

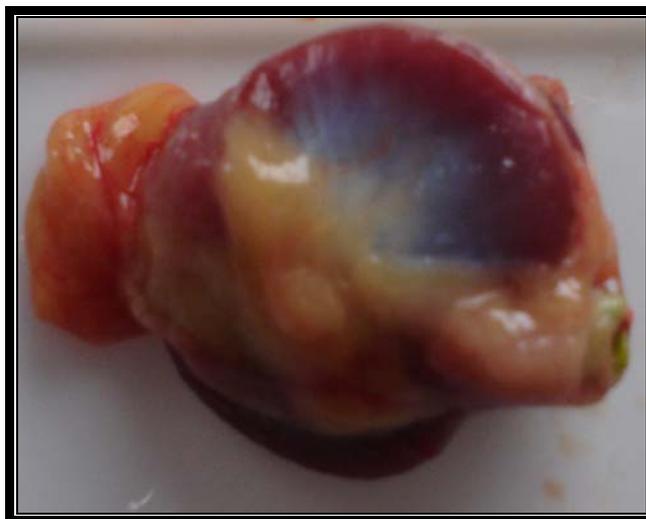
- peso pós-sangria (PPS), que corresponde à carcaça sangrada junto com a respectiva cabeça;
- peso pós-depena (PPD), que corresponde à carcaça sangrada e depenada, sem a respectiva cabeça;
- peso de carcaça (PCA), que corresponde à carcaça eviscerada, desprovida de pés e cabeça, sendo que a carcaça não foi lavada após a evisceração para evitar que a absorção de água interferisse na pesagem;

Pesos dos órgãos: coração (PCO), moela (PMO), fígado (PFI) e pulmão (PPUL) também foram registrados (Figura 18).

FIGURA 18 - ÓRGÃOS QUE FORAM PESADOS: CORAÇÃO (A), MOELA (B), FÍGADO (C) E PULMÃO (D)



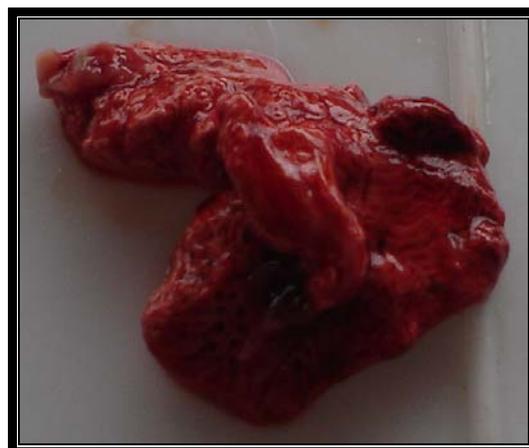
(a)



(b)



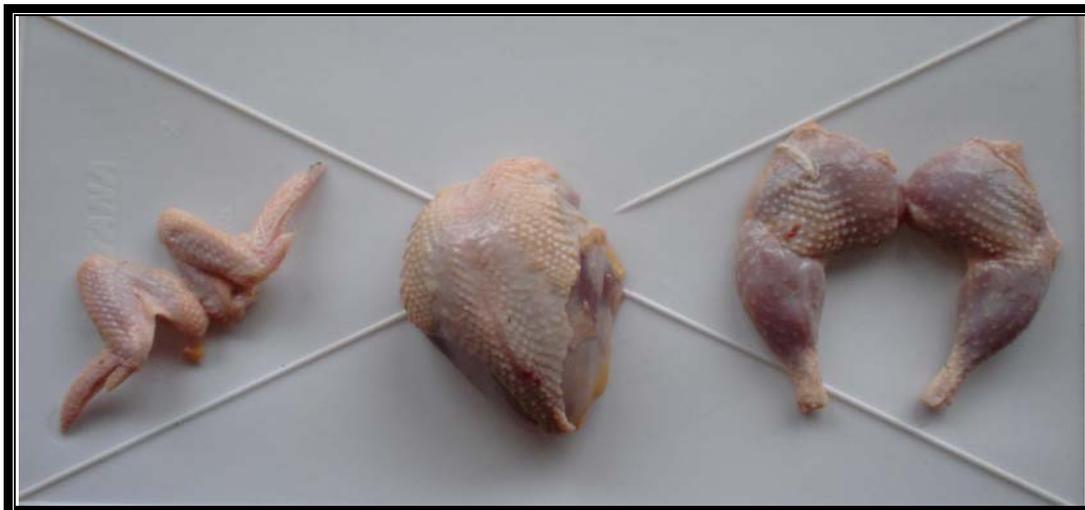
(c)



(d)

Depois de pesadas as carcaças foram lavadas e resfriadas por imersão em água com gelo picado por 20 minutos e deixadas gotejar por 5 minutos. Foram registrados os pesos dos pés (PP), das asas (PA), peito (PPE) e pernas (PPER), este último consistindo no peso da coxa e sobrecoxa de ambas as pernas de cada ave (Figura 19).

FIGURA 19 - ASAS, PEITO E PERNAS QUE FORAM PESADOS



4.4 METODOLOGIA DE ANÁLISE

As estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método Bayesiano, usando algoritmo amostrador de Gibbs, disponível no programa MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models), desenvolvido por VAN TASSEL e VAN VLECK (1996).

Foram realizadas análises multicarácter para três grupos de características:

- Características de desempenho

As características utilizadas neste grupo de análise foram peso aos sete dias (PES7), peso aos 14 dias (PES14), peso aos 28 dias (PES28) e peso aos 42 dias (PES42) de idade.

- Características de carcaça e peso aos 28 dias

Este grupo foi constituído do peso corporal aos 28 dias (PES28) e dos pesos de carcaça (PCA), peito (PPE) e pernas (PPER).

- Características de composição corporal e peso aos 28 dias

Este grupo também foi constituído do peso corporal aos 28 dias e dos pesos de coração (PCO), fígado (PFI), pulmão (PPUL) e moela (PMO).

Para análise do grupo de características de desempenho foram incluídos no modelo como efeito fixo o sexo dos animais, como covariável o número de animais por gaiola e como efeitos aleatórios foram considerados o efeito genético aditivo e efeitos aleatórios não correlacionados de ambiente materno-permanente. As informações deste grupo foram analisadas com um arquivo de pedigree constituído de 1312 codornas. Nos outros dois grupos de análise a diferença em relação ao modelo foi no efeito aleatório não correlacionado de ambiente materno-permanente, sendo este utilizado apenas para a característica peso aos 28 dias. Para este grupo as informações foram analisadas com um arquivo de pedigree constituído de 252 codornas.

Muitas das características pesadas não foram analisadas neste estudo. Possibilitando que novas pesquisas sejam realizadas.

4.4.1 Modelo

Para cada grupo de análise empregou-se o seguinte modelo animal:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & X_i \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_i \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_i \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_i \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & W_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & W_i \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_i \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_i \end{bmatrix}$$

em que:

y_1, y_2, \dots, y_i são os vetores de observações das i características;

X_1, X_2, \dots, X_i são as matrizes de incidência dos efeitos fixos nos vetores y ;

$\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_i$ são os vetores dos efeitos fixos;

Z_1, Z_2, \dots, Z_i são as matrizes de incidência dos valores genéticos nos vetores y ;

a_1, a_2, \dots, a_i são os vetores dos efeitos aleatórios dos valores genéticos;

W_1, W_2, \dots, W_i são as matrizes de incidência dos efeitos de ambiente materno-permanente nos vetores y ;

p_1, p_2, \dots, p_i são os vetores dos efeitos de ambiente materno-permanente;

e_1, e_2, \dots, e_i são os vetores dos erros aleatórios.

A distribuição conjunta normal multivariada de y, a, p e e são expressas, respectivamente, por:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & WP & R \\ GZ' & G & \emptyset & \emptyset \\ PW' & \emptyset & P & \emptyset \\ R & \emptyset & \emptyset & R \end{bmatrix} \right\}$$

sendo:

$$V = ZGZ' + WPW' + R$$

$$G = G_0 \otimes A$$

em que:

V é a matriz de (co)variância das observações;

G é a matriz de (co)variância genética aditiva;

A é a matriz de parentesco;

\otimes é o produto de Kronecker;

G_0 é a matriz de co(variância) genética aditiva das i características, como segue:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_i} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2 a_i} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_1 a_i} & \sigma_{a_2 a_i} & \cdots & \sigma_{a_i}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

$\sigma_{a_i}^2$ são as variâncias genéticas aditivas das i características;

$\sigma_{a_i a_j}$ são as covariâncias genéticas entre as características i e j ;

$$P = P_0 \otimes I$$

em que:

P matriz de (co)variância dos efeitos de ambiente materno-permanente;

I matriz de identidade de ordem igual ao número de mães;

P_0 matriz de (co)variância dos efeitos aleatórios de ambiente materno-permanente das i características, dada a seguir:

$$P_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p_1}^2 & \sigma_{p_1 p_2} & \cdots & \sigma_{p_1 p_i} \\ \sigma_{p_1 p_2} & \sigma_{p_2}^2 & \cdots & \sigma_{p_2 p_i} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{p_1 p_i} & \sigma_{p_2 p_i} & \cdots & \sigma_{p_i}^2 \end{bmatrix}$$

em que:

$\sigma_{p_i}^2$ são as variâncias dos efeitos de ambiente materno-permanente das i características;

$\sigma_{p_i p_j}$ são as covariâncias dos efeitos de ambiente materno-permanente entre as características i e j ;

$$R = R_0 \otimes I$$

em que:

R matriz de (co)variância residual;

I é a matriz de identidade de ordem igual ao número de animais;

R_0 é a matriz de (co)variância residual, das i características, dada a seguir:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \cdots & \sigma_{e_1 e_i} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & \sigma_{e_2 e_i} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{e_1 e_i} & \sigma_{e_2 e_i} & \cdots & \sigma_{e_i}^2 \end{bmatrix}$$

em que:

$\sigma_{e_i}^2$ são as variâncias residuais das i características;

$\sigma_{e_i e_j}$ são as covariâncias residuais entre as características i e j ;

Os componentes de variância iniciais atribuídos no programa MTGSAM para a realização das análises foram obtidos por meio de proporções de variâncias fenotípicas. Já os componentes de covariância iniciais foram calculados utilizando-se os componentes de variância e assumindo-se como 0,50 as correlações entre as características, por ser este um valor intermediário. As distribuições a priori dos efeitos considerados no modelo foram definidas pelo próprio programa. Admitindo-se que não haja informação prévia a respeito dos efeitos fixos, assumiu-se uma distribuição inicial uniforme para estes efeitos. A distribuição dos efeitos aleatórios foram supostos

como tendo distribuição normal multivariada e para componentes de (co)variância considerou-se como distribuição a de Wishart Invertida.

Para cada um dos grupos de análise, cadeias de Gibbs de 7.000.000 iterações foram geradas com descarte inicial de 1.000.000 iterações para o período de aquecimento da cadeia (burn-in) no intuito de se minimizar os efeitos dos valores iniciais. Para assegurar a independência da amostra, considerou-se um intervalo de retirada de 3.000. Desta forma, foram obtidas 2.000 amostras dos componentes de (co)variância, sendo possível a obtenção das estimativas de herdabilidade, correlações genéticas, fenotípicas e também o estabelecimento dos intervalos de credibilidade, regiões de alta densidade e elaboração dos gráficos das distribuições *a posteriori*.

As estimativas de herdabilidade foram obtidas da seguinte forma:

$$h_i^2 = \frac{\sigma_{a_i}^2}{\sigma_{a_i}^2 + \sigma_{p_i}^2 + \sigma_{e_i}^2}$$

sendo:

h_i^2 estimativas de herdabilidade para cada característica i ;

$\sigma_{a_i}^2$ estimativa de variância genética aditiva para cada característica i ;

$\sigma_{p_i}^2$ estimativa de variância do efeito de ambiente materno-permanente para cada característica i ;

$\sigma_{e_i}^2$ estimativa de variância residual para cada característica i .

As estimativas de correlações genéticas foram obtidas da seguinte forma:

$$r_{Gij} = \frac{\sigma_{a_i a_j}}{\sqrt{\sigma_{a_i}^2 \sigma_{a_j}^2}}$$

sendo:

r_{Gij} correlação genética entre as características i e j ;

$\sigma_{a_i a_j}$ covariância genética aditiva entre as características i e j ;

$\sigma_{a_i}^2$ e $\sigma_{a_j}^2$ variâncias genéticas aditivas das características i e j .

As estimativas de correlações fenotípicas foram obtidas da seguinte forma:

$$r_{Fij} = \frac{\sigma_{a_i a_j} + \sigma_{p_i p_j} + \sigma_{e_i e_j}}{\sqrt{(\sigma_{a_i}^2 + \sigma_{p_i}^2 + \sigma_{e_i}^2)(\sigma_{a_j}^2 + \sigma_{p_j}^2 + \sigma_{e_j}^2)}}$$

sendo:

r_{Fij} correlação fenotípica entre as características i e j ;

$\sigma_{a_i a_j}$ covariância genética aditiva entre as características i e j ;

$\sigma_{p_i p_j}$ covariância dos efeitos de ambiente materno-permanente entre as características i e j ;

$\sigma_{e_i e_j}$ covariância residual entre as características i e j ;

$\sigma_{a_i}^2$ e $\sigma_{a_j}^2$ variâncias genéticas aditivas das características i e j ;

$\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{p_j}^2$ variâncias dos efeitos de ambiente materno-permanente das características i e j ;

$\sigma_{e_i}^2$ e $\sigma_{e_j}^2$ variâncias residuais das características i e j .

4.4.2 Convergência

A convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs para cada um dos grupos analisados foram monitoradas por meio de análise gráfica e usando os testes de diagnóstico de Geweke, Raftery e Lewis e de Heidelberger e Welch disponíveis no CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) do programa R.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 DESCRIÇÃO ESTATÍSTICA DOS DADOS

Estatísticas descritivas para as características de desempenho semanal (peso a um, aos sete, 14, 21, 28, 35, 42 e 49 dias de idade), características de carcaça (peso de carcaça, peito, pernas), rendimento (carcaça e peito) e composição corporal (coração, fígado, pulmão e moela) são apresentadas na Tabela 2.

TABELA 2 - MÉDIA, DESVIO-PADRÃO, COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (%) E VALORES MÍNIMO E MÁXIMO DAS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO SEMANAL, CARCAÇA, RENDIMENTO DE CARCAÇA E COMPOSIÇÃO CORPORAL ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS	MÉDIA	DESVIO-PADRÃO	COEFICIENTE DE VARIAÇÃO	MÍNIMO	MÁXIMO	
Desempenho Semanal (g)	PES1	9,66	0,99	10,20	6,63	13,15
	PES7	23,20	4,71	20,30	11,25	39,98
	PES14	50,06	11,76	23,50	19,85	93,19
	PES21	90,48	18,39	20,32	37,67	173,00
	PES28	128,28	23,51	18,33	60,00	225,00
	PES35	158,65	26,61	16,77	86,00	263,50
	PES42	180,24	29,64	16,44	86,00	305,5
	PES49	198,73	30,03	15,11	91,00	337,00
Carcaça (g)	PCA	137,59	17,15	12,46	97,75	187,50
	PPE	59,65	8,79	14,73	38,34	84,08
	PPER	33,91	4,19	12,35	24,78	46,28
Rendimento (%)	RCA	73,00	0,02	2,80	67,00	84,00
	RPE	32,00	0,02	6,34	25,00	37,00
Composição corporal (g)	PCO	1,58	0,31	19,56	0,87	2,49
	PFI	3,91	0,65	16,70	2,50	5,92
	PPUL	1,90	0,35	18,28	1,28	3,19
	PMO	5,38	0,77	14,23	3,21	8,40

PES1– peso a um dia; PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES21– peso aos 21 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES35 – peso aos 35 dias; PES42 – peso aos 42 dias; PES49 – peso aos 49 dias; PCA – peso de carcaça; PPE – peso de peito; PPER – peso de pernas; RCA – rendimento de carcaça; RPE – rendimento de peito; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

Os pesos médios semanais encontrados a um dia, aos sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias de idade foram maiores do que os descritos por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003), sendo que o peso aos 42 dias foi similar. SEFTON e SIEGEL (1974) também encontraram pesos médios inferiores ao estudo, porém a um e aos sete dias estes foram similares. AGGREY e CHENG (1994), ao avaliarem o peso corporal aos sete, 14, 21 e 28 dias de idade, encontraram pesos médios maiores do que neste estudo. Provavelmente porque a linhagem utilizada por AGGREY e CHENG (1994) foi resultado de 20 gerações de seleção para alto peso.

Para as características de desempenho o coeficiente de variação praticamente duplicou da primeira para a segunda semana de idade (10,20% e 20,30%). Isto pode ser atribuído ao sistema de identificação utilizado no início do experimento (colar feito com elástico de silicone) que limitou ou mesmo impediu o acesso de algumas aves ao alimento e à água. Com a perda de peso no período inicial, estas aves tiveram um desenvolvimento mais lento que outras e isto provocou uma maior variabilidade dos pesos e também pesos médios inferiores aos obtidos por ALMEIDA (2001) com codornas italianas, no período de sete a 42 dias de idade.

Com relação ao peso médio de carcaça este foi similar ao encontrado por ALMEIDA (2001) e superior ao relatado por OGUZ et al. (1996). O rendimento médio de carcaça foi semelhante aos resultados obtidos por OGUZ et al. (1996) e ALMEIDA (2001). Já o rendimento de peito obtido por ALMEIDA (2001) foi menor do que encontrado neste estudo. Os coeficientes de variação do rendimento de carcaça e de peito foram inferiores aos relatados pela autora, indicando uma maior homogeneidade do grupo em estudo.

Os pesos médios do coração e fígado foram similares aos relatados por TOELLE et al. (1991) e maiores do que os relatados por OGUZ et al. (1996). Entretanto, KAWAHARA e SAITO (1976) encontraram peso médio do fígado maior e pesos de pulmão e moela menores. TOELLE et al. (1991) obtiveram peso médio de moela maior do que neste estudo. Os coeficientes de variação para coração, fígado e moela foram semelhantes aos descritos por estes autores.

5.2 VERIFICAÇÃO DE CONVERGÊNCIA

A convergência das cadeias foi satisfeita, não existindo evidências contra a convergência para o grupo de análise das características de desempenho e características de carcaça com peso aos 28 dias de idade. No grupo de análise constituído de peso aos 28 dias com características de composição corporal os componentes de covariância genética entre o peso aos 28 dias e peso do fígado, entre peso do fígado e peso do pulmão, entre peso do fígado e peso da moela e entre o peso do pulmão e peso da moela não convergiram pelo teste Heidelberger e Welch. A monitoração gráfica indicou indícios de convergência, sendo realizada apenas para as estimativas de correlações genéticas para cada um dos grupos analisados.

Além disso, para cada grupo foram geradas duas cadeias começando de diferentes pontos iniciais com mesmo número de iterações (resultados não apresentados). As estimativas pontuais das herdabilidades e correlações genéticas tiveram pequenas modificações em cada uma das cadeias geradas e os intervalos de credibilidade permaneceram amplos para muitos dos componentes de (co)variância.

A dificuldade de convergência pode ser provavelmente devido a problemas com a estrutura de dados, pois existiam apenas informações de uma única geração de descendentes. A obtenção de novas gerações com a continuação da pesquisa poderá trazer grandes contribuições para comparação dos resultados obtidos neste estudo.

Outra proposta para continuidade deste estudo é a comparação de resultados utilizando-se de diferentes períodos de descarte e intervalos de retirada (número apropriado de espaçamento entre iterações) para cada um dos grupos de análise.

5.3 CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO: PESO AOS SETE DIAS, PESO AOS 14 DIAS, PESO AOS 28 DIAS E PESO AOS 42 DIAS DE IDADE

5.3.1 Estimativas de Componentes de (Co)variâncias

A condição indispensável para a prática do melhoramento genético é que haja variação na população. O estudo da variação é feito pela sua decomposição em componentes atribuídos a diferentes causas de variação. A variância causada pelo ambiente que, por definição, engloba toda a variação de origem não genética, tendo uma grande variedade de causas. Em geral, é uma fonte de erro, que reduz a precisão nos estudos genéticos e o objetivo do melhorista é reduzi-la o mais possível pelo manejo cuidadoso ou delineamento apropriado do experimento (FALCONER, 1987). O efeito de ambiente materno-permanente tem sido sugerido como causa de variação de características de importância econômica. A presença deste efeito pode levar a erros na estimação de parâmetros genéticos, daí a importância de sua estimação e incorporação nos programas de melhoramento. De acordo com AGGREY e CHENG (1994), o efeito de ambiente materno-permanente observado na progênie é até certo ponto a consequência da variação genética de algumas características das fêmeas. Os fatores dos efeitos de ambiente materno-permanente que podem afetar o crescimento em aves são tamanho, peso do ovo, qualidade da casca e composição da gema. A contribuição do efeito de ambiente materno-permanente na variância fenotípica obtida neste estudo (resultados não apresentados em tabela) foi de 0,76; 0,07; 0,06; 0,06, 0,06 para peso a um, sete, 14, 28 e 42 dias de idade. Estes resultados indicam a grande influência deste efeito no peso a um dia de idade.

As estimativas das médias *a posteriori* e seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para componentes de (co)variância genética aditiva, (co)variância de ambiente materno-permanente e (co)variância residual para peso aos sete, 14, 28 e 42 dias de idade, são apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5.

TABELA 3 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA PARA AS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
Variância genética aditiva	PES7	5,64	2,02 – 9,61	1,84 – 9,21
	PES14	55,04	27,83 – 82,41	27,88 – 82,41
	PES28	229,41	126,40 – 324,02	130,76 – 327,14
	PES42	341,27	212,63 – 459,04	213,71 – 459,09
Covariância genética aditiva	PES7 e PES14	13,39	3,64 – 23,43	2,96 – 22,45
	PES7 e PES28	19,97	1,84 – 37,43	1,61 – 36,75
	PES7 e PES42	24,91	4,87 – 43,53	4,15 – 42,69
	PES14 e PES28	83,89	32,07 – 132,67	31,08 – 131,38
	PES14 e PES42	79,62	24,09 – 131,58	25,22 – 132,38
	PES28 e PES42	229,92	116,34 – 332,20	117,06 – 332,65

PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES42 – peso aos 42 dias.

TABELA 4 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA DE AMBIENTE MATERNO-PERMANENTE PARA AS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
Variância de ambiente materno-permanente	PES7	1,47	0,32 – 3,47	0,16 – 2,96
	PES14	7,82	1,73 – 20,10	0,88 – 16,39
	PES28	27,30	6,99 – 68,79	4,49 – 56,42
	PES42	37,40	10,08 – 89,92	8,23 – 74,17
Covariância de ambiente materno-permanente	PES7 e PES14	2,87	0,35 – 7,68	0,12 – 6,39
	PES7 e PES28	4,79	0,38 – 13,02	0,11 – 11,57
	PES7 e PES42	5,51	0,36 – 14,86	0,26 – 12,36
	PES14 e PES28	12,04	1,51 – 33,31	0,59 – 28,29
	PES14 e PES42	13,18	1,39 – 36,30	0,43 – 30,74
	PES28 e PES42	26,67	4,29 – 73,03	0,75 – 58,18

PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES42 – peso aos 42 dias.

TABELA 5 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA RESIDUAL PARA AS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
Variância residual	PES7	14,87	12,34 – 17,30	12,56 – 17,47
	PES14	64,17	47,03 – 80,65	46,87 – 80,35
	PES28	173,71	117,14 – 232,08	118,9 – 233,09
	PES42	166,68	102,25 – 237,57	99,08 – 233,41
Covariância residual	PES7 e PES14	26,43	20,29 – 32,17	20,68 – 32,46
	PES7 e PES28	38,71	28,36 – 49,13	28,77 – 49,92
	PES7 e PES42	31,37	20,34 – 42,83	20,96 – 43,15
	PES14 e PES28	89,89	60,79 – 119,33	63,20 – 121,21
	PES14 e PES42	79,68	49,56 – 111,00	52,17 – 112,65
	PES28 e PES42	156,38	98,79 – 219,33	95,54 – 215,12

PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES42 – peso aos 42 dias.

As estimativas obtidas para peso aos sete, 14, 28 e 42 dias das variâncias genética aditiva; de efeito de ambiente materno-permanente e residual aumentaram ao longo das semanas analisadas, com exceção da variância residual aos 42 dias que apresentou um pequeno decréscimo na magnitude. Comparações entre os valores dos componentes de (co)variância encontrados neste trabalho e resultados da literatura não foram possíveis, visto que publicações das estimativas destes componentes das características de desempenho, para codornas, são raras ou inexistentes.

O tamanho do intervalo informa sobre a dispersão dos valores do parâmetro (componentes de (co)variância, herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas), ou seja, quanto menor for o tamanho do intervalo mais concentrada é a distribuição do parâmetro. Os intervalos de credibilidade ao nível de 90%, indicam que a probabilidade do parâmetro situar-se entre os limites inferior e superior é de 90%.

Pelas Tabelas 3, 4 e 5 verifica-se que, de modo geral, os intervalos de credibilidade foram amplos. As estimativas dos componentes de (co)variância serão mais precisas quanto menores forem seus intervalos.

Para distribuições simétricas, o intervalo de credibilidade e a região de alta densidade são idênticos. Havendo assimetria, os dois critérios produzem intervalos diferentes; a diferença depende do grau de assimetria. A assimetria pode ser à esquerda ou à direita, indicando um forte aglomerado de observações do lado direito ou esquerdo da média, respectivamente (LEVINE; BERENSON; STEPHAN, 2000).

Quando o limite inferior do intervalo de credibilidade é maior do que o limite inferior da região de alta densidade indica que são mais freqüentes valores mais baixos do parâmetro, esta distorção é causada por alguns valores extremamente elevados (assimetria à direita). No caso do limite inferior do intervalo de credibilidade ser menor do que o limite inferior da região de alta densidade indica que são mais freqüentes valores mais altos do parâmetro, a distorção é causada por alguns valores extremamente baixos (assimetria à esquerda). Comparando os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade observam-se algumas diferenças nos limites destes intervalos, de forma que as distribuições *a posteriori* dos componentes de variância genética aditiva apresentaram pequena assimetria, com predominância de valores altos do parâmetro. Isto indica que há maior probabilidade dos valores dos parâmetros estarem mais próximos do limite superior do que do limite inferior do intervalo, exceto para a característica peso aos sete dias. Já nos componentes de covariância genética aditiva a predominância foi de valores baixos do parâmetro, exceto entre os pesos aos 14 e 42 dias e aos 28 e 42 dias. Quanto aos componentes de (co)variância dos efeitos de ambiente materno-permanente observa-se uma concentração de valores baixos do parâmetro, indicando que há maior probabilidade das estimativas destes componentes estarem mais próximas do limite inferior do que do limite superior do intervalo. Nas variâncias residuais dos pesos aos 14 e 42 dias e na covariância residual entre os pesos 28 com 42 dias ocorreu uma concentração dos valores baixos do parâmetro.

5.3.2 Estimativas de Herdabilidade

Na Tabela 6, são apresentadas as estimativas de herdabilidade, coeficientes de variação, intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% das características de desempenho analisadas.

TABELA 6 - MÉDIA A *POSTERIORI*, CV (%) E RESPECTIVOS INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA PESO AOS SETE, 14, 28 E 42 DIAS DE IDADE

CARACTERÍSTICA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	CV ¹ (%)	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES7	0,25	22,76	0,14 – 0,32	0,16 – 0,33
PES14	0,43	7,97	0,36 – 0,45	0,38 – 0,46
PES28	0,53	3,24	0,50 – 0,55	0,51 – 0,55
PES42	0,62	3,72	0,58 – 0,65	0,60 – 0,66

PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias ; PES42 – peso aos 42 dias.

¹Coefficiente de variação.

Nota-se nas Tabelas 3, 4 e 5 que as estimativas de variâncias residuais (14,87 e 64,17, respectivamente) para peso aos sete e aos 14 dias foram maiores do que as estimativas de variâncias genéticas aditivas (5,64 e 55,04, respectivamente) e variâncias de ambiente materno-permanente (1,47 e 7,82). Já para peso aos 28 e 42 dias verifica-se que as estimativas de variâncias genéticas aditivas (229,41 e 341,27, respectivamente) foram maiores do que as estimativas de variâncias residuais (173,71 e 166,68, respectivamente) e variâncias de ambiente materno-permanente (27,30 e 37,40). Isto indica que à medida que o animal se torna mais velho o seu peso é menos influenciado por fatores extrínsecos como o peso do ovo que o originou ou fatores do ambiente em que se encontra, e mais dependente do seu próprio genótipo. Sendo assim, as estimativas de herdabilidade mostraram uma tendência de se elevar à medida que a idade dos animais aumentava, conforme verificado pela Tabela 6. Estes resultados diferem dos obtidos por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003), cujos valores de herdabilidade tenderam a diminuir com a idade. A diferença desta tendência deve

ser provavelmente porque no atual estudo considerou-se o efeito de ambiente materno-permanente no modelo.

A estimativa de herdabilidade para peso aos sete dias foi 0,25, superior à estimativa de herdabilidade baixa de 0,12 encontrada por AGGREY e CHENG (1994) e inferior à estimativa de 0,32 reportada por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003). Para peso aos 14 dias o valor de herdabilidade moderado foi superior aos valores de herdabilidade de 0,31 e 0,20, respectivamente descritos por AGGREY e CHENG (1994) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003).

A herdabilidade alta de peso aos 28 dias foi inferior à descrita por NARAYAN et al. (1996) que foi de 0,74, e superior às estimativas descritas por AGGREY e CHENG (1994) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003) que apresentaram valores 0,44 e 0,20, respectivamente. Quanto ao peso aos 42 dias a herdabilidade encontrada também foi alta. Estes resultados diferem dos apresentados por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003) que obtiveram uma menor estimativa (0,14). Possivelmente esta estimativa inferior obtida pelos autores tenha sido devido ao fato de não ter incluído no modelo o efeito de ambiente materno-permanente, que pode afetar o peso na eclosão e tende a diminuir com a idade. Embora para a obtenção das estimativas de herdabilidade AGGREY e CHENG (1994) tenham incluído no modelo o efeito de ambiente materno-permanente, as diferenças encontradas em relação ao presente estudo provavelmente foram devidas à diferença da metodologia utilizada, pois estes autores usaram o método de máxima verossimilhança restrita.

Neste estudo verificou-se que as estimativas de herdabilidade para peso aos 14, 28 e 42 dias de idade variaram entre moderadas e altas, o que indica a possibilidade de obtenção de resposta à seleção na população estudada se estas características forem usadas como critérios de seleção.

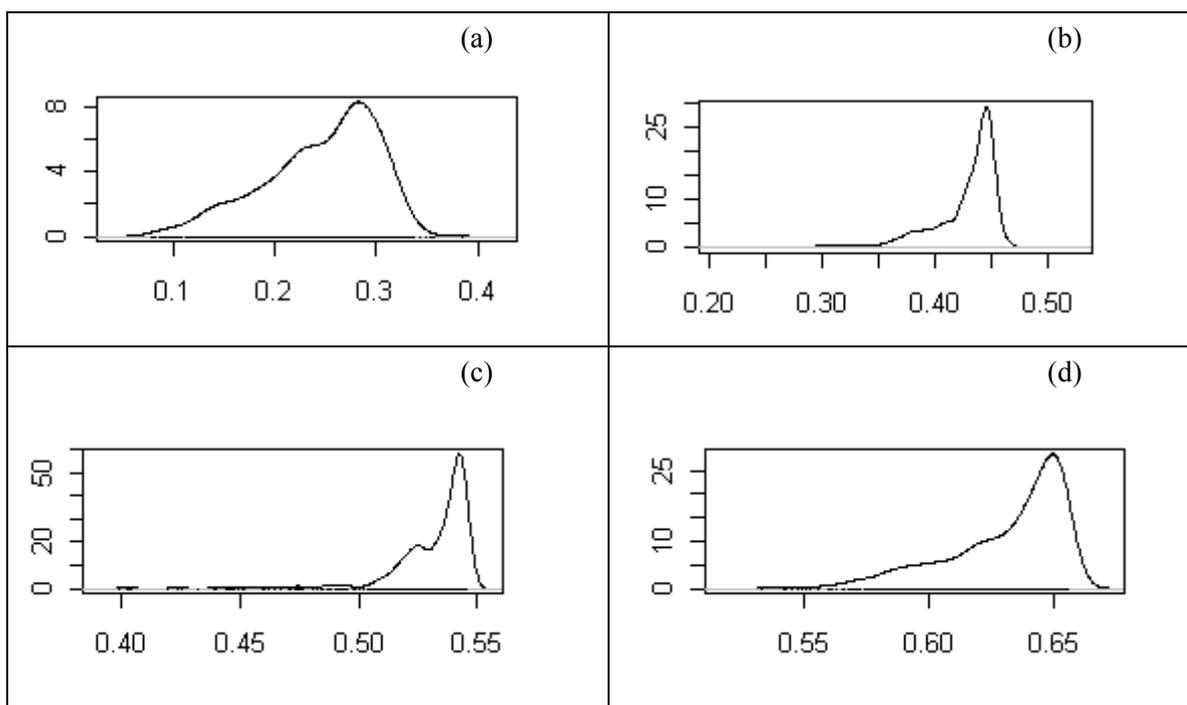
Com relação aos intervalos de credibilidade, nota-se um intervalo mais amplo para peso aos sete dias de idade. Este resultado indica uma maior dispersão dos valores do parâmetro, conforme pode ser visto pelo coeficiente de variação (22,76%). As características peso aos 28 e 42 dias de idade exibiram intervalos menores, isto é, estimativas mais precisas. Assim, por exemplo, para peso aos 28 dias existe uma

probabilidade de 90% de que o valor da herdabilidade esteja situado entre 0,50 e 0,55.

Comparando os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade nota-se uma pequena assimetria com predominância de valores altos do parâmetro. Isto pode indicar que há uma maior probabilidade das estimativas de herdabilidade estarem mais próximas do limite superior do que do limite inferior do intervalo.

A distribuição *a posteriori* é a descrição mais completa possível de toda a informação que se tem sobre o parâmetro, neste caso a herdabilidade. A visualização da assimetria com predominância dos valores altos do parâmetro pode ser vista pelas distribuições *a posteriori* das estimativas de herdabilidade mostradas na Figura 20.

FIGURA 20 - DISTRIBUIÇÕES A *POSTERIORI* DAS HERDABILIDADES DE: (A) PESO AOS SETE DIAS, (B) PESO AOS 14 DIAS, (C) PESO AOS 28 DIAS E (D) PESO AOS 42 DIAS



Nota-se pelas distribuições *a posteriori* dos valores da herdabilidade que as características que apresentaram uma menor e maior dispersão foram peso aos 28 e sete dias de idade, conforme foi verificado também pelo coeficiente de variação. As estimativas de herdabilidade para peso aos 28 e 42 dias são as mais precisas.

5.3.3 Estimativas de Correlações Genéticas e Fenotípicas

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas obtidas entre as características analisadas estão dispostas na Tabela 7.

TABELA 7 - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (ACIMA DA DIAGONAL) E FENOTÍPICAS (ABAIXO DA DIAGONAL) ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS	PES7	PES14	PES28	PES42
PES7	–	0,73	0,52	0,55
PES14	0,81	–	0,73	0,56
PES28	0,65	0,79	–	0,81
PES42	0,57	0,66	0,85	–

PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES42 – peso aos 42 dias.

Observa-se que as estimativas das correlações fenotípicas das características analisadas apresentaram magnitude ligeiramente superior às genéticas. Estes resultados estão de acordo com SEFTON e SIEGEL (1974) nas correlações entre os pesos de sete com 42, 14 com 28, 14 com 42 e 28 com 42 dias e também com AGGREY e CHENG (1994) nas correlações entre os pesos de sete com 14 e sete com 28 dias e diferem das correlações fenotípicas inferiores às genéticas que foram encontradas por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003). Embora no presente trabalho não se tenham estimado as correlações de ambiente, a proximidade dos valores das correlações fenotípicas e genéticas sugere que a correlação de ambiente é de pequena magnitude e positiva.

A característica peso aos sete dias apresentou correlação genética alta com peso aos 14 dias, dados consistentes com os descritos em fêmeas, por SEFTON e

SIEGEL (1974) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003) que foi superior (0,96) e por AGGREY e CHENG (1994) que foi inferior (0,64). Esta correlação indica que a seleção para maior peso aos sete dias implica uma resposta no mesmo sentido no peso aos 14 dias. Entre os pesos aos sete e aos 28 dias a correlação genética foi moderada e de magnitude superior a estimativa de 0,45 encontrado por AGGREY e CHENG (1994), enquanto as estimativas descritas em fêmeas, por SEFTON e SIEGEL (1974) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003) relataram correlações genéticas altas (0,82 e 0,94, respectivamente). Peso aos sete dias também apresentou correlação genética moderada com peso aos 42 dias, diferindo da estimativa baixa (0,33) obtida em fêmeas, por SEFTON e SIEGEL (1974) e da estimativa alta (0,89) encontrada por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003).

Com relação ao peso aos 14 dias o resultado indicou correlação genética alta com peso aos 28 dias semelhante às descritas em fêmeas, por SEFTON e SIEGEL (1974), AGGREY e CHENG (1994) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003), embora estes autores tenham obtido estimativas levemente superiores (0,86, 0,76 e 0,90, respectivamente). Entre os pesos aos 14 e 42 dias, a correlação genética obtida foi de 0,56. Este valor foi inferior ao valor de correlação genética de 0,73 encontrado por SAATCI, DEWI e AKSOY (2003).

Peso aos 28 dias apresentou correlação genética alta com peso aos 42 dias, o que está de acordo com SEFTON e SIEGEL (1974), BRAH, CHAUDHARY e SANDHU (1997) e SAATCI, DEWI e AKSOY (2003). Por outro lado, estes resultados conflitam com a estimativa baixa de 0,31 encontrada por KUMAR et al. (2002). Estas correlações indicam que a seleção para peso aos 28 dias provoca uma resposta no mesmo sentido no peso aos 42 dias. As correlações genéticas obtidas entre os pesos a diferentes idades analisadas indicam que a seleção para peso pode ser realizada em idades anteriores.

As diferenças entre as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas encontradas para a mesma característica nos diferentes estudos comparados podem ser devido a fatores como diferenças entre as populações ou as condições sob as quais elas são estudadas, diferenças entre os modelos de análise e metodologia

utilizada. Dos trabalhos revisados para comparação das estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas, nenhum deles utilizou-se da metodologia Bayesiana.

Na Tabela 8, são mostrados os coeficientes de variação, intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para as correlações genéticas entre as características analisadas.

TABELA 8 - CV (%), INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS DAS CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS CORRELACIONADAS	CV ¹ (%)	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES7 e PES14	18,83	0,46 – 0,87	0,55 – 0,89
PES7 e PES28	38,02	0,11 – 0,76	0,22 – 0,80
PES7 e PES42	32,68	0,20 – 0,77	0,26 – 0,80
PES14 e PES28	14,09	0,52 – 0,85	0,60 – 0,87
PES14 e PES42	24,51	0,30 – 0,72	0,37 – 0,76
PES28 e PES42	7,40	0,70 – 0,88	0,73 – 0,89

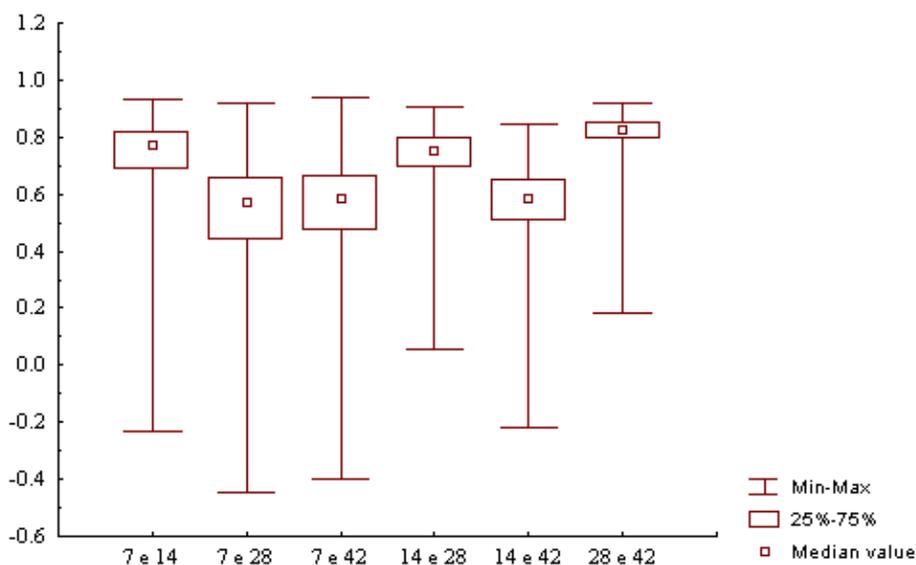
PES7 – peso aos sete dias; PES14 – peso aos 14 dias; PES28 – peso aos 28 dias; PES42 – peso aos 42 dias.

¹Coefficiente de variação.

Os intervalos de credibilidade das estimativas de correlações genéticas entre os pesos aos 28 e 42 dias e 14 e 28 dias foram os que apresentaram as menores amplitudes de variação, o que pode ser confirmado pelos menores coeficientes de variação (7,40% e 14,09%). Estes resultados permitem concluir que as estimativas destes parâmetros são mais precisas. Assim, por exemplo, para correlação genética entre peso aos 28 e 42 dias de idade a probabilidade de que o valor da correlação genética esteja situado entre 0,70 e 0,88 é de 90%. Para todas as estimativas de correlações genéticas das características analisadas nota-se uma pequena assimetria, com predominância de valores altos do parâmetro. Estas observações sugerem que há uma maior probabilidade dos valores das correlações genéticas estarem mais próximos do limite superior do que limite inferior do intervalo.

A visualização da variabilidade e assimetria estão apresentadas nos gráficos de caixa (box-plot) mostrados na Figura 21.

FIGURA 21 - GRÁFICOS DE CAIXA DAS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE OS PESOS 7 E 14, 7 E 28, 7 E 42, 14 E 28, 14 E 42 E 28 E 42 DIAS



Nos gráficos de caixa utilizados para melhor visualização dos resultados, constam o mínimo, máximo, mediana e o primeiro e terceiro quartil. A comparação da dispersão pode ser feita utilizando-se os comprimentos das caixas. Nota-se uma menor dispersão na correlação genética entre os pesos de 28 e 42 dias, seguida dos pesos de 14 e 28 dias e uma maior dispersão entre os pesos de 7 e 28 dias. A partir da posição da mediana, do primeiro e terceiro quartil, pode ser visto o tipo de assimetria. Assimetria à esquerda a mediana estará mais próxima do terceiro quartil do que do primeiro e assimetria à direita quando estiver mais próxima do primeiro quartil do que do terceiro. Nota-se assimetria à esquerda pela Figura 21, indicando que esta distorção foi causada pela obtenção de poucos valores extremamente baixos.

A verdadeira distribuição *a posteriori* não é conhecida e utiliza-se de métodos como de simulação de Monte Carlo baseados na cadeia de Markov que permitem aproximar a distribuição *a posteriori*. Uma vez alcançada a chamada distribuição a

posteriori estacionária após um longo e suficiente período de iterações, qualquer amostra que se tome desta distribuição, será considerada como uma amostra da verdadeira distribuição a *posteriori* dos parâmetros. Além dos testes de diagnóstico de convergência, a monitoração pode ser feita por meio de análise gráfica. Quando o aspecto visual mostrar a estabilização do processo, ou seja, apresentar repetidamente o mesmo comportamento pode se concluir pela convergência da cadeia. Visando ilustrar este procedimento gráfico optou-se em apresentá-lo apenas para as estimativas de correlações genéticas. Os valores gerados das correlações genéticas ao longo das iterações (à esquerda) e as distribuições a *posteriori* (à direita) das características analisadas são apresentados nas Figuras 22 e 23.

FIGURA 22 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DENSIDADE A *POSTERIORI* DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (A) PESO AOS 7 E 14 DIAS, (B) PESO AOS 7 E 28 DIAS E (C) PESO AOS 7 E 42 DIAS

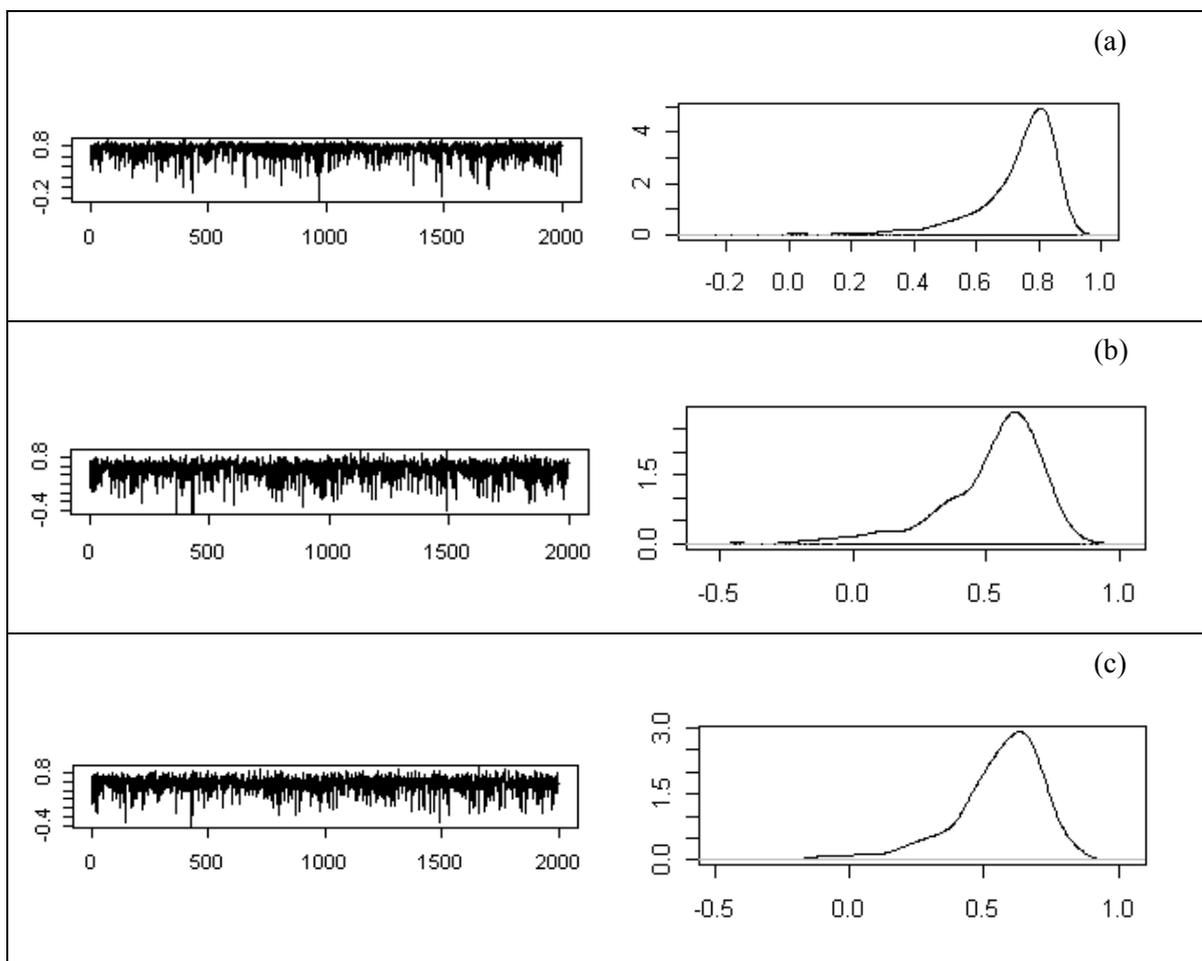
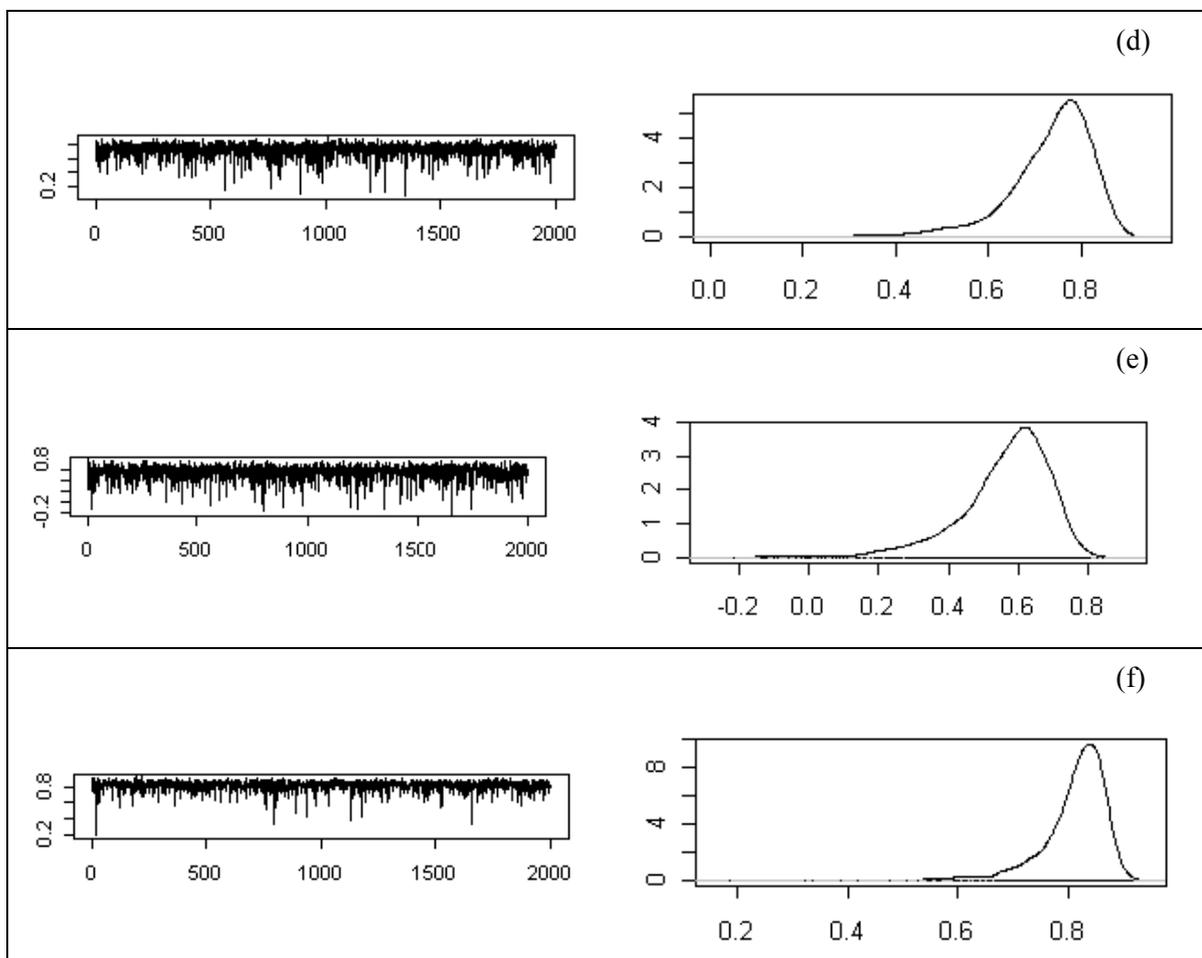


FIGURA 23 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DENSIDADE A *POSTERIORI* DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (D) PESO AOS 14 E 28 DIAS, (E) PESO AOS 14 E 42 DIAS E (F) PESO AOS 28 E 42 DIAS



De acordo com as Figuras 22 e 23, observa-se que as diferentes cadeias se aproximaram de um valor constante ao longo das iterações, indicando indícios de convergência. Dessa maneira, pode-se acreditar que as estimativas dos parâmetros são, verdadeiramente, as médias das distribuições a *posteriori*, pois a condição de estacionaridade foi atingida. Nota-se também nestes gráficos a presença de alguns valores baixos que provavelmente podem estar causando a assimetria à esquerda. As distribuições a *posteriori* das correlações genéticas entre os pesos 14 e 28 dias e 28 e 42 dias apresentaram uma menor dispersão, ou seja, as estimativas são mais precisas.

5.4 CARACTERÍSTICAS DE CARÇAÇA E PESO AOS 28 DIAS

5.4.1 Estimativas de Componentes de (Co)variâncias

Na Tabela 9, são apresentadas as estimativas das médias a *posteriori* e seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para componentes de (co)variância genética aditiva e (co)variância residual para peso aos 28 dias idade, peso de carcaça, peso de peito e peso de pernas.

TABELA 9 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA E (CO)VARIÂNCIA RESIDUAL PARA AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
Variância genética aditiva	PES28	143,11	47,13 – 269,20	36,31 – 250,50
	PCA	202,00	146,88 – 256,44	151,54 – 260,10
	PPE	52,39	37,21 – 67,67	36,85 – 67,16
	PPER	11,49	7,73 – 15,25	7,73 – 15,22
Covariância genética aditiva	PES28 e PCA	123,98	65,69 – 183,20	64,34 – 181,19
	PES28 e PPE	62,11	32,78 – 91,18	30,97 – 89,21
	PES28 e PPER	26,62	12,28 – 41,54	12,93 – 41,95
	PCA e PPE	100,35	72,68 – 127,48	73,36 – 127,74
	PCA e PPER	45,54	32,12 – 59,19	33,32 – 60,17
	PPE e PPER	22,63	16,14 – 29,00	16,60 – 29,35
Variância residual	PES28	93,42	28,88 – 159,84	18,96 – 148,07
	PCA	35,15	16,05 – 65,51	11,98 – 57,74
	PPE	11,81	5,55 – 20,30	4,76 – 18,90
	PPER	3,68	1,63 – 6,20	1,49 – 5,96
Covariância residual	PES28 e PCA	25,66	-3,29 – 63,74	-4,91 – 55,98
	PES28 e PPE	11,32	-3,63 – 30,29	-5,51 – 27,76
	PES28 e PPER	5,50	-2,50 – 15,39	-3,36 – 14,03
	PCA e PPE	13,16	3,36 – 27,83	1,42 – 24,25
	PCA e PPER	7,15	1,52 – 15,10	0,69 – 13,29
	PPE e PPER	1,26	-1,19 – 4,92	-1,58 – 4,10

PES28 – peso aos 28 dias; PCA – peso de carcaça; PPE – peso de peito; PPER – peso de pernas.

Comparações entre os valores dos componentes de (co)variância encontrados neste trabalho e resultados da literatura não foram possíveis, visto que publicações das estimativas destes componentes das características analisadas, para codornas, são raras ou inexistentes.

Com base nos resultados da Tabela 9 verifica-se que, de maneira geral, os intervalos de credibilidade foram amplos. Os resultados indicam que a probabilidade dos componentes de (co)variância estarem entre os limites inferior e superior do intervalo é de 90%.

Ao compararmos os intervalos de credibilidade com as regiões de alta densidade nota-se que as distribuições *a posteriori* para as (co)variâncias genéticas aditivas apresentaram pequena assimetria, com predominância de valores altos para a maioria dos componentes de (co)variância genética aditiva, indicando que há uma maior probabilidade das estimativas destes componentes estarem mais próximas do limite superior do que do limite inferior do intervalo, com exceção das variâncias genética aditiva de peso aos 28 dias e peso de peito e da covariância genética aditiva entre o peso aos 28 dias e peso de carcaça e entre o peso aos 28 dias e peso de peito que apresentaram predominância de valores baixos do parâmetro. Para a variância genética aditiva de peso de pernas o comportamento foi simétrico. Quanto aos componentes de (co)variância residual observa-se uma concentração de valores baixos do parâmetro, indicando que há uma maior probabilidade das estimativas destes componentes estarem mais próximas do limite inferior do que do limite superior do intervalo.

5.4.2 Estimativas de Herdabilidade

Na Tabela 10, são mostradas as estimativas de herdabilidade, coeficientes de variação, intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% das características analisadas.

TABELA 10 - MÉDIA A *POSTERIORI*, CV (%) E RESPECTIVOS INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA PESO AOS 28 DIAS, PESO DE CARÇAÇA, PESO DE PEITO E PESO DE PERNAS

CARACTERÍSTICA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	CV ¹ (%)	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES28	0,53	40,83	0,19 – 0,87	0,22 – 0,89
PCA	0,84	8,53	0,71 – 0,94	0,74 – 0,95
PPE	0,81	9,83	0,66 – 0,92	0,69 – 0,93
PPER	0,75	13,55	0,57 – 0,90	0,59 – 0,91

PES28 – peso aos 28 dias; PCA – peso de carcaça; PPE – peso do peito; PPER – peso de pernas.

¹Coefficiente de variação.

A variância do resíduo é uma parcela da variância fenotípica que engloba todos os efeitos não incorporados no modelo. Esta variância influencia de forma inversa a herdabilidade, ou seja, quanto menor o seu valor, maior é a herdabilidade. Na Tabela 9 observa-se que as estimativas de variâncias genéticas aditivas para peso de carcaça e peso de peito foram proporcionalmente maiores do que as estimativas de variâncias genéticas residuais. Deste modo, os valores de herdabilidades para peso de carcaça e de peito apresentaram maiores estimativas de herdabilidade, como observado na Tabela 10.

As estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo foram de magnitude alta e variaram de 0,53 a 0,84, sugerindo que a seleção para as características peso aos 28 dias, peso de carcaça, peso de peito e peso de pernas da população estudada, deve resultar em progresso genético.

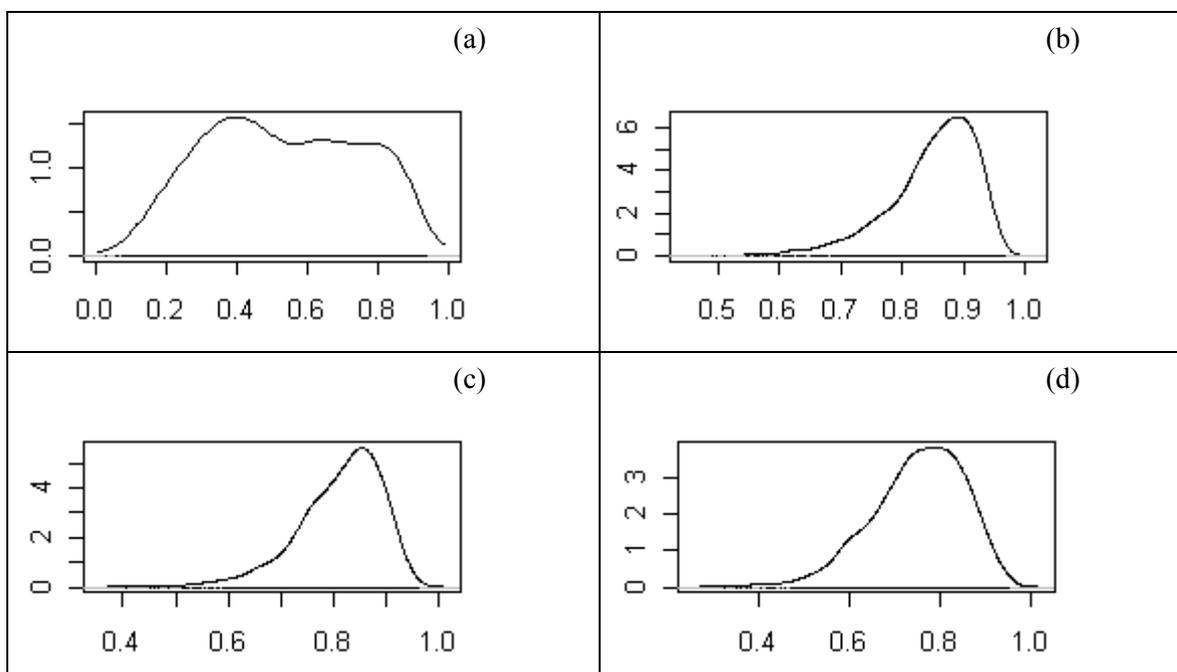
As herdabilidades para peso de peito e de pernas diferiram das descritas por TOELLE et al. (1991), que foram moderadas (0,37 e 0,42, respectivamente). Possivelmente estas diferenças das estimativas sejam atribuídas ao método de obtenção da herdabilidade que estes autores utilizaram (Método 3 de Henderson), a idade do abate (34 dias) e a linhagem que foi resultado de 18 gerações de seleção para alto peso às quatro semanas.

Com relação aos intervalos de credibilidade, nota-se que as características pesos de carcaça e peito exibiram intervalos menores, o que pode ser confirmado pelos coeficientes de variação (8,53% e 9,83%, respectivamente), indicando estimativas mais precisas. Assim, por exemplo, para peso de carcaça a probabilidade de que o valor da herdabilidade esteja situado entre 0,71 e 0,94 é de 90%.

Comparando os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade nota-se uma pequena assimetria à esquerda provavelmente causada pela obtenção de alguns valores extremamente baixos. Isto pode indicar que há uma maior probabilidade dos valores das herdabilidades estarem mais próximos do limite superior do que do limite inferior do intervalo.

A assimetria das distribuições a *posteriori* das estimativas de herdabilidade pode ser visualizada pela Figura 24.

FIGURA 24 - DISTRIBUIÇÃO A POSTERIORI DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE: (A) PESO AOS 28 DIAS, (B) PESO DE CARCAÇA, (C) PESO DE PEITO E (D) PESO DE PERNAS



Nota-se pelas distribuições a *posteriori* das estimativas de herdabilidade que peso aos 28 dias apresentou uma grande dispersão, conforme verificado também pelo coeficiente de variação (40,83%).

5.4.3 Estimativas de Correlações Genéticas e Fenotípicas

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres peso aos 28 dias, peso de carcaça, peso de peito e peso de pernas estão apresentadas na Tabela 11.

TABELA 11 - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (ACIMA DA DIAGONAL) E FENOTÍPICAS (ABAIXO DA DIAGONAL) ENTRE AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS	PES28	PCA	PPE	PPER
PES28	–	0,76	0,75	0,69
PCA	0,59	–	0,97	0,95
PPE	0,56	0,92	–	0,93
PPER	0,50	0,88	0,76	–

PES28 – peso aos 28 dias; PCA – peso de carcaça; PPE – peso de peito; PPER – peso de pernas.

Peso aos 28 dias apresentou correlação genética alta com peso de carcaça, diferindo da correlação genética negativa encontrada por SHAHIN et al. (2000). Porém estes autores utilizaram linhagens diferentes, abate aos 42 dias e diferente método de obtenção das estimativas. Também foram altas as correlações genéticas entre peso aos 28 dias e o peso do peito e entre o peso aos 28 dias e o peso de pernas, comportamento semelhante ao descrito por TOELLE et al. (1991), embora estes autores tenham obtido estimativas mais altas, de 0,93 e 0,87, respectivamente. Sob as condições deste estudo as estimativas de correlações genéticas encontradas indicam que a seleção para alto peso aos 28 dias de idade resulta em aves que podem apresentar maior peso de carcaça, peso de peito e peso de pernas.

A estimativa de correlação genética entre o peso de carcaça e o peso de peito foi de magnitude alta, superior à estimativa moderada relatada por ODUZ e TÜRKMUT (1999), contudo, estes autores utilizaram seleção sob pressões diferentes para alto peso às quatro semanas em três gerações de codornas japonesas.

Da mesma forma, a estimativa de correlação genética entre peso de carcaça e peso de pernas foi alta, indicando que o aumento do peso de carcaça pode proporcionar um aumento no peso de pernas. Com relação ao peso de peito os

resultados indicam uma correlação genética alta com peso de pernas. Estes resultados sugerem que o aumento do peso de peito deve resultar em aumento no peso de pernas.

As estimativas das correlações genéticas das características analisadas apresentaram magnitude ligeiramente superior as fenotípicas. Apesar de que no atual estudo não se tenham estimado as correlações de ambiente, a proximidade dos valores das correlações fenotípicas e genéticas sugere que a correlação de ambiente é de pequena magnitude e negativa.

A Tabela 12 mostra os coeficientes de variação, intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para as correlações genéticas entre as características analisadas.

TABELA 12 - CV (%), INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS DAS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS CORRELACIONADAS	CV ¹ (%)	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES28 e PCA	19,12	0,51 – 0,95	0,56 – 0,97
PES28 e PPE	20,29	0,49 – 0,96	0,54 – 0,98
PES28 e PPER	26,88	0,37 – 0,94	0,43 – 0,97
PCA e PPE	1,02	0,94 – 0,98	0,95 – 0,99
PCA e PPER	2,66	0,90 – 0,96	0,92 – 0,98
PPE e PPER	4,40	0,85 – 0,97	0,87 – 0,98

PES28 – peso aos 28 dias; PCA – peso de carcaça; PPE – peso do peito; PPER – peso de pernas.

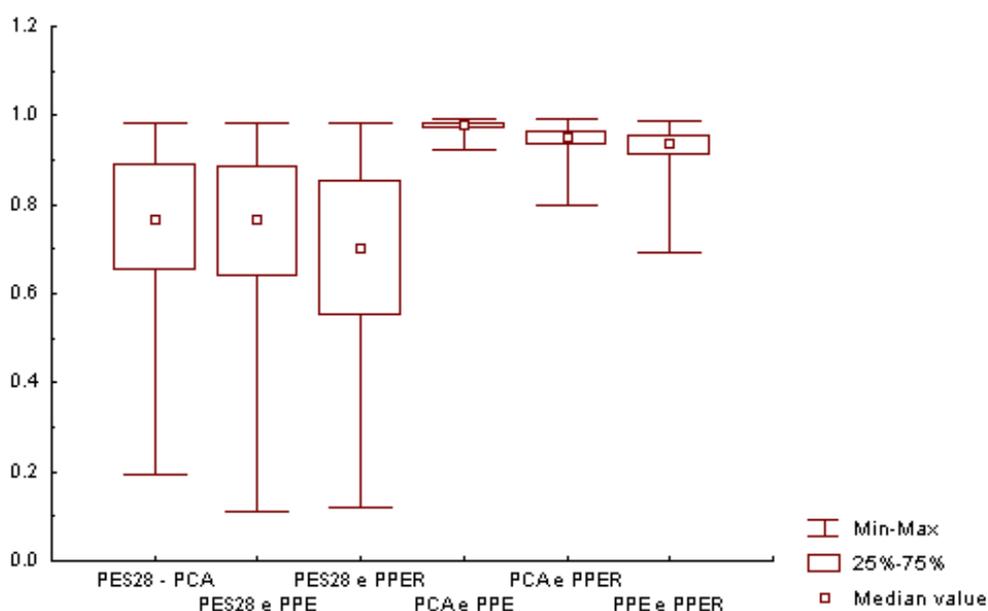
¹Coeficiente de variação.

Os intervalos de credibilidade das estimativas de correlações genéticas entre o peso de carcaça e peso de peito, entre o peso de carcaça e peso de pernas e entre o peso de peito e peso de pernas foram os que apresentaram menores amplitudes de variação, conforme pode ser visto pelos menores coeficientes de variação. Estes resultados permitem concluir que as estimativas destes parâmetros são mais precisas. Assim, por exemplo, para correlação genética entre pesos de carcaça e peito existe uma probabilidade de 90% de que o valor da correlação genética esteja situado entre 0,94 e 0,98.

Ao compararmos os intervalos de credibilidade com as regiões de alta densidade das correlações genéticas, nota-se uma pequena assimetria, com predominância de valores altos para estes parâmetros. Estas observações sugerem que há uma maior probabilidade dos valores das correlações genéticas estarem mais próximos do limite superior do que limite inferior do intervalo.

A visualização da variabilidade e assimetria estão apresentadas nos gráficos de caixa (box-plot) mostrados na Figura 25.

FIGURA 25 - GRÁFICOS DE CAIXA DAS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS



Nota-se pelos comprimentos das caixas uma maior dispersão na correlação genética entre o peso aos 28 dias com peso de pernas, seguida do peso aos 28 dias com peso de peito. Já a menor dispersão foi entre o peso de carcaça com peso de peito.

Quanto à assimetria verifica-se que a mediana está mais próxima do terceiro quartil do que do primeiro, indicando que esta distorção foi causada pela obtenção de alguns valores extremamente baixos do parâmetro.

Visando ilustrar a monitoração da convergência por meio de análise gráfica são apresentados nas Figuras 26 e 27 os valores gerados das correlações genéticas ao longo das iterações (à esquerda) e as distribuições a *posteriori* (à direita) das características analisadas.

FIGURA 26 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DENSIDADE A POSTERIORI DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (A) PESO AOS 28 DIAS E PESO DE CARÇAÇA, (B) PESO AOS 28 DIAS E PESO DE PEITO, (C) PESO AOS 28 DIAS E PESO DE PERNAS

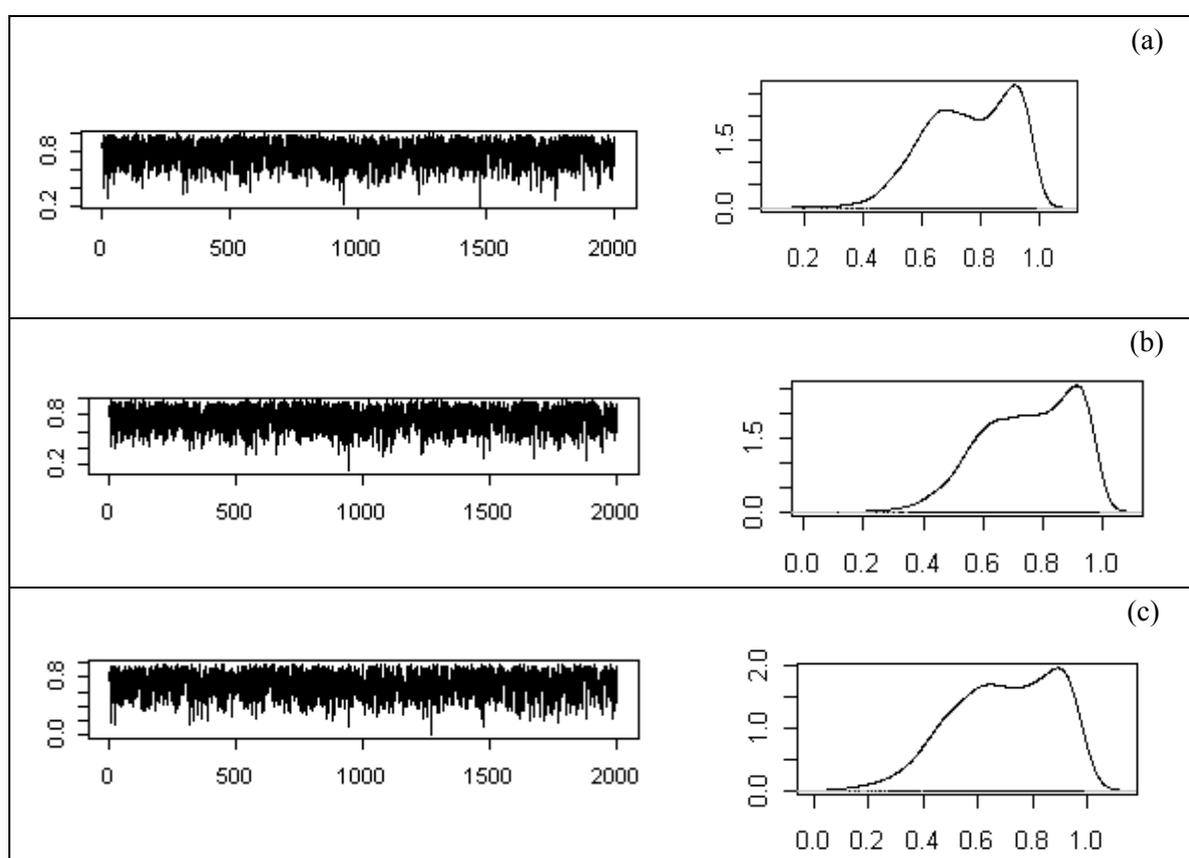
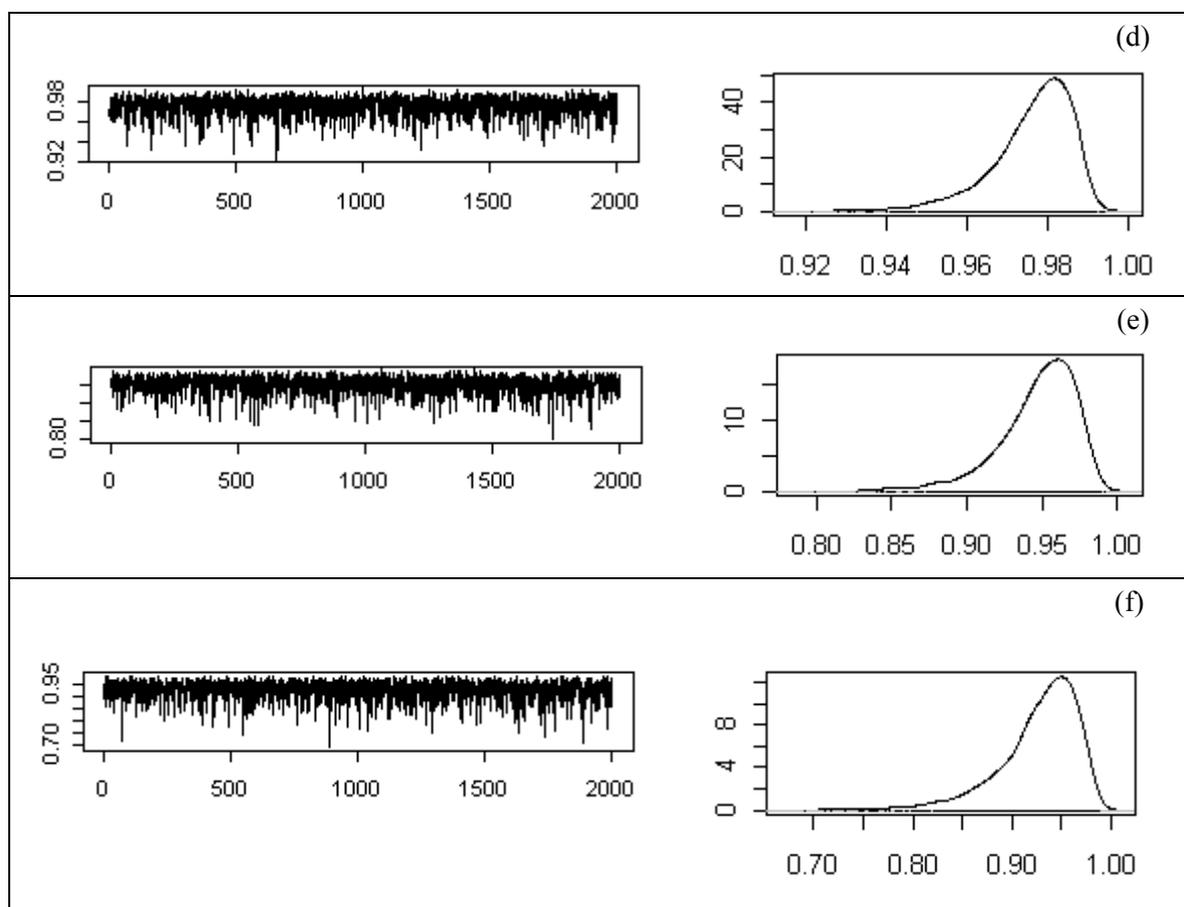


FIGURA 27 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DENSIDADE A POSTERIORI DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (D) PESO DE CARÇAÇA E PESO DE PEITO, (E) PESO DE CARÇAÇA E PESO DE PERNAS E (F) PESO DE PEITO E PESO DE PERNAS



De acordo com as Figuras 26 e 27, observa-se que as diferentes cadeias se aproximaram de um valor constante ao longo das iterações, indicando indícios de convergência. Dessa maneira, pode-se acreditar que as estimativas dos parâmetros são, verdadeiramente, as médias das distribuições a *posteriori*, pois a condição de estacionaridade foi atingida. Nota-se também nestes gráficos a presença de alguns valores baixos do parâmetro que provavelmente podem estar causando a assimetria à esquerda. As distribuições a *posteriori* das correlações genéticas entre o peso de carcaça e peso de peito e entre o peso de carcaça e peso de pernas apresentaram a menor dispersão, ou seja, as estimativas são mais precisas.

5.5 PESO AOS 28 DIAS, PESO DO CORAÇÃO, PESO DO FÍGADO, PESO DO PULMÃO E PESO DA MOELA

5.5.1 Estimativas de Componentes de (Co)variâncias

As estimativas das médias *a posteriori* e seus respectivos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para componentes de (co)variância genética aditiva e (co)variância residual para peso aos 28 dias idade, peso do coração, peso do fígado, peso do pulmão e peso da moela, são mostradas nas Tabelas 13 e 14.

TABELA 13 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA PARA AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
PES28	266,8365	199,4426 – 327,4257	199,3292 – 326,9511	
PCO	0,0756	0,0537 – 0,0974	0,0537 – 0,0973	
Variância genética aditiva	PFI	0,1508	0,0436 – 0,3141	0,0259 – 0,2716
	PPUL	0,0183	0,0070 – 0,0351	0,0049 – 0,0306
	PMO	0,4599	0,3565 – 0,5699	0,3565 – 0,5699
	PES28 e PCO	2,3170	1,3260 – 3,2407	1,3892 – 3,2849
Covariância genética aditiva	PES28 e PFI	0,4942	-1,9026 – 3,2157	-1,9502 – 3,1124
	PES28 e PPUL	1,4449	0,4368 – 2,5593	0,4154 – 2,5246
	PES28 e PMO	2,5544	0,6679 – 4,4705	0,6281 – 4,3776
	PCO e PFI	0,0240	-0,0188 – 0,0729	-0,0227 – 0,0679
	PCO e PPUL	0,0264	0,0097 – 0,0456	0,0084 – 0,0435
	PCO e PMO	0,0593	0,0241 – 0,0958	0,0232 – 0,0952
	PFI e PPUL	0,0058	-0,0219 – 0,0389	-0,0234 – 0,0369
	PFI e PMO	0,0931	-0,0005 – 0,1847	-0,0022 – 0,1844
PPUL e PMO	0,069	-0,0297 – 0,0467	-0,0281 – 0,0478	

PES28 – peso aos 28 dias; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

TABELA 14 - MÉDIA A *POSTERIORI*, INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA RESIDUAL PARA AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

COMPONENTE DE (CO)VARIÂNCIA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE	
Variância residual	PES28	27,2420	8,5384 – 60,6806	4,8688 – 49,6230
	PCO	0,0144	0,0049 – 0,0285	0,0036 – 0,0253
	PFI	0,2379	0,1165 – 0,3522	0,1206 – 0,3542
	PPUL	0,1047	0,0843 – 0,1269	0,0837 – 0,1257
	PMO	0,0628	0,0251 – 0,1144	0,0179 – 0,1027
Covariância residual	PES28 e PCO	0,3982	0,0121 – 0,9638	-0,0605 – 0,8483
	PES28 e PFI	1,2204	-0,5251 – 2,9725	-0,6499 – 2,8000
	PES28 e PPUL	0,6982	-0,0814 – 1,5371	-0,0260 – 1,5667
	PES28 e PMO	0,5024	-0,2656 – 1,3765	-0,3129 – 1,3076
	PCO e PFI	0,0457	0,0135 – 0,0812	0,0122 – 0,0791
	PCO e PPUL	0,0181	0,0044 – 0,0327	0,0039 – 0,0318
	PCO e PMO	0,0163	0,0012 – 0,0372	-0,0008 – 0,0336
	PFI e PPUL	0,0622	0,0295 – 0,0946	0,0288 – 0,0933
	PFI e PMO	0,0471	-0,0142 – 0,1143	-0,0126 – 0,1145
PPUL e PMO	0,0593	0,0289 – 0,0912	0,0279 – 0,0894	

PES28 – peso aos 28 dias; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

Comparações entre os valores dos componentes de (co)variância encontrados neste trabalho e resultados da literatura não foram possíveis, visto que publicações das estimativas destes componentes das características de composição corporal, para codornas, são raras ou inexistentes.

Nas Tabelas 13 e 14, nota-se que, de maneira geral, os intervalos de credibilidade foram amplos. Ao compararmos os intervalos de credibilidade com as regiões de alta densidade verificam-se diferenças entre estes intervalos, de forma que as distribuições a *posteriori* dos componentes de (co)variância genética aditiva e (co)variância residual apresentaram pequena assimetria. Quanto aos componentes de (co)variância genética aditiva verifica-se predominância de valores baixos do parâmetro, indicando que há maior probabilidade das estimativas destes componentes de (co)variância genética aditiva estarem mais próximas do limite inferior do que do limite superior do intervalo, exceto para as covariâncias genéticas entre o peso aos 28 dias e peso do coração e entre peso do pulmão e peso da moela. Já as características

peso do coração e peso da moela apresentaram comportamento simétrico.

De modo geral, verifica-se que nos componentes de (co)variância residual a predominância também foi de valores baixos do parâmetro, exceto para variância residual do peso de fígado e a covariância residual entre o peso aos 28 dias e peso do pulmão e entre o peso do fígado e peso da moela que mostraram concentração de valores altos do parâmetro, ou seja, há uma maior probabilidade das estimativas destes componentes de (co)variância residual estarem mais próximas do limite superior do que do limite inferior do intervalo.

5.5.2 Estimativas de Herdabilidade

As estimativas de herdabilidade, coeficientes de variação, intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% das características analisadas são apresentadas na Tabela 15.

TABELA 15 - MÉDIA A *POSTERIORI*, CV (%) E RESPECTIVOS INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA OS PESOS AOS 28 DIAS, CORAÇÃO, FÍGADO, PULMÃO E MOELA

CARACTERÍSTICA	MÉDIA A <i>POSTERIORI</i>	CV ¹ (%)	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES28	0,90	3,96	0,84 – 0,96	0,85 – 0,96
PCO	0,84	5,09	0,77 – 0,91	0,78 – 0,91
PFI	0,38	16,28	0,28 – 0,47	0,26 – 0,45
PPUL	0,15	30,40	0,07 – 0,21	0,06 – 0,20
PMO	0,88	3,57	0,83 – 0,93	0,84 – 0,94

PES28 – peso aos 28 dias; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

¹Coefficiente de variação.

Nota-se na Tabela 14 que as estimativas de variâncias genéticas aditivas para peso aos 28 dias, peso de moela e peso de coração foram proporcionalmente maiores do que as estimativas de variâncias genéticas residuais. Assim, as herdabilidades encontradas para estas características foram maiores que as demais, como pode ser observado na Tabela 15.

A estimativa de herdabilidade encontrada para peso aos 28 dias (0,90) foi superior ao valor encontrado quando esta foi analisada conjuntamente com as características de desempenho (0,52), de acordo com a Tabela 6. Esta mudança provavelmente ocorreu porque a amostra deste grupo incluiu animais com pesos intermediários devido à seleção divergente (alto e baixo peso) para a escolha dos reprodutores.

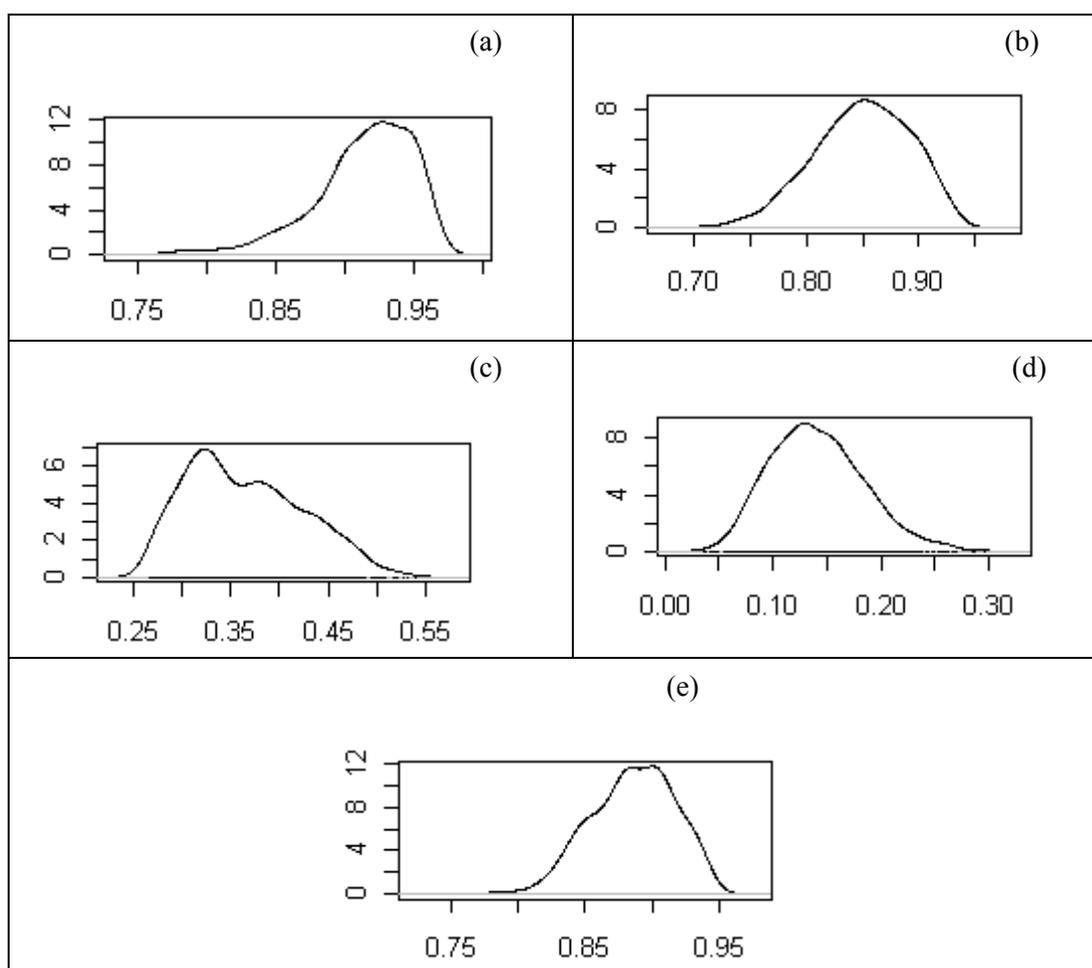
A herdabilidade alta encontrada para peso do coração diferiu da estimativa baixa de 0,23 descrita por TOELLE et al. (1991). Possivelmente esta diferença da estimativa seja atribuída ao método de obtenção da herdabilidade que estes autores utilizaram, a idade do abate (34 dias) e a linhagem, que foi resultado de 18 gerações de seleção para alto peso às quatro semanas. O resultado do atual estudo também diferiu das herdabilidades de 0,55 e 0,23 obtidas por KAWAHARA e SAITO (1976), em machos e fêmeas, respectivamente. Para peso do fígado a estimativa de herdabilidade moderada foi semelhante à estimativa de 0,35 obtida por KAWAHARA e SAITO (1976), em machos e diferente da estimativa baixa de 0,17 encontrada por TOELLE et al. (1991). Já para peso do pulmão a herdabilidade baixa foi semelhante à estimativa de 0,18 e inferior à estimativa de 0,31 reportada por KAWAHARA e SAITO (1976), em fêmeas e machos, respectivamente. A herdabilidade encontrada para peso da moela foi alta e superior às estimativas de herdabilidade obtidas por KAWAHARA e SAITO (1976), em machos e por TOELLE et al. (1991) que foram de 0,65 e 0,63, respectivamente. As estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo indicam que a seleção para peso do coração, peso do fígado e peso da moela da população estudada, deve resultar em progresso genético. Contudo, a estimativa de herdabilidade de pulmão mostra que há pouca variação genética aditiva na característica, sugerindo baixo progresso genético pela seleção.

Observa-se que os maiores intervalos de credibilidade foram para peso do fígado e peso do pulmão, o que pode ser confirmado pelos coeficientes de variação (16,28% e 30,40%, respectivamente).

Ao compararmos os intervalos de credibilidade com as regiões de alta densidade, nota-se uma pequena assimetria, com predominância de valores altos do parâmetro para peso aos 28 dias, peso do coração e peso da moela, indicando uma maior probabilidade dos valores das herdabilidades estarem mais próximos do limite superior do que limite inferior do intervalo. Para as estimativas de herdabilidade do peso do fígado e peso do pulmão a predominância foi de valores baixos do parâmetro.

A assimetria das distribuições *a posteriori* das estimativas de herdabilidade pode ser visualizada pela Figura 28.

FIGURA 28 - DISTRIBUIÇÕES A *POSTERIORI* DAS HERDABILIDADES DE: (A) PESO AOS 28 DIAS, (B) PESO DO CORAÇÃO, (C) PESO DO FÍGADO, (D) PESO DO PULMÃO E (E) PESO DA MOELA



Nota-se pelas distribuições *a posteriori* dos valores da herdabilidade que as características peso do fígado e peso do pulmão apresentaram assimetria causada por alguns valores extremamente elevados. A estimativa de herdabilidade da característica peso da moela apresentou menor dispersão, conforme foi verificado também pelo coeficiente de variação (3,57%), ou seja, a estimativa é mais precisa.

5.5.3 Estimativas de Correlações Genéticas e Fenotípicas

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas obtidas entre as características analisadas estão dispostas na Tabela 16.

TABELA 16 - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS (ACIMA DA DIAGONAL) E FENOTÍPICAS (ABAIXO DA DIAGONAL) ENTRE AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS	PES28	PCO	PFI	PPUL	PMO
PES28	–	0,52	0,19	0,55	0,22
PCO	0,53	–	0,22	0,60	0,30
PFI	0,16	0,37	–	0,16	0,40
PPUL	0,36	0,42	0,31	–	0,10
PMO	0,25	0,35	0,31	0,27	–

PES28 – peso aos 28 dias; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

Neste trabalho foram encontradas correlações genéticas moderadas entre o peso aos 28 dias e peso do coração e entre o peso aos 28 dias e peso do pulmão. Já entre o peso aos 28 dias e peso do fígado e entre o peso aos 28 dias e peso da moela estas foram baixas. A correlação genética encontrada da característica peso do coração com peso do fígado foi baixa, comparáveis às descritas por KAWAHARA e SAITO (1976), em machos e fêmeas que foram, respectivamente 0,27 e 0,14, e inferior a correlação genética alta de 0,73 encontrada por TOELLE et al. (1991). Possivelmente a diferença da estimativa seja atribuída ao método 3 de Henderson que estes autores utilizaram, a idade do abate (34 dias) e a linhagem que foi resultado de 18 gerações de seleção para alto peso às quatro semanas.

Entre os pesos do coração e pulmão a correlação genética foi alta, enquanto KAWAHARA e SAITO (1976) encontraram correlações genéticas baixas de 0,23 e 0,21, em machos e fêmeas, respectivamente. A correlação genética baixa obtida entre o peso do coração e peso da moela foi similar a estimativa de 0,29 descrita por TOELLE et al. (1991) e superior as estimativas de 0,19 e 0,02 relatada por KAWAHARA e SAITO (1976), em machos e fêmeas, respectivamente.

Quanto ao peso do fígado este apresentou correlação genética baixa com peso do pulmão e correlação genética moderada com peso da moela. Estes resultados foram similares ao descrito por KAWAHARA e SAITO (1976) em relação a correlação genética entre o peso do fígado e peso da moela (0,40), em machos. Entre o peso do fígado e peso do pulmão esta foi ainda mais baixa (0,04). A estimativa baixa de correlação genética obtida entre o peso do pulmão e peso da moela foi similar à estimativa de 0,11 obtida em fêmeas, por KAWAHARA e SAITO (1976). Em machos, estes autores encontraram um valor negativo e de magnitude baixa. Observa-se pela Tabela 17 que o limite inferior do intervalo de credibilidade desta estimativa é negativo, possibilitando que esta estimativa esteja de acordo com a estimativa encontrada por estes autores, em machos.

As diferenças entre as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas encontradas para a mesma característica nos estudos comparados podem ser devido a fatores como diferenças entre as populações ou as condições sob as quais elas são estudadas, diferenças entre os modelos de análise e metodologia utilizada.

Na Tabela 17, são mostrados os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade ao nível de 90% para as correlações genéticas obtidas entre as características analisadas.

TABELA 17- INTERVALO DE CREDIBILIDADE E REGIÃO DE ALTA DENSIDADE AO NÍVEL DE 90%, PARA AS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS DAS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS

CARACTERÍSTICAS CORRELACIONADAS	INTERVALO DE CREDIBILIDADE	REGIÃO DE ALTA DENSIDADE
PES28 e PCO	0,367 – 0,645	0,368 – 0,648
PES28 e PFI	-0,361 – 0,523	-0,340 – 0,548
PES28 e PPUL	0,288 – 0,893	0,373 – 0,923
PES28 e PMO	0,063 – 0,385	0,065 – 0,387
PCO e PFI	-0,244 – 0,591	-0,199 – 0,619
PCO e PPUL	0,379 – 0,915	0,475 – 0,920
PCO e PMO	0,145 – 0,472	0,152 – 0,476
PFI e PPUL	-0,477 – 0,602	-0,435 – 0,631
PFI e PMO	-0,003 – 0,726	0,033 – 0,748
PPUL e PMO	-0,367 – 0,457	-0,364 – 0,459

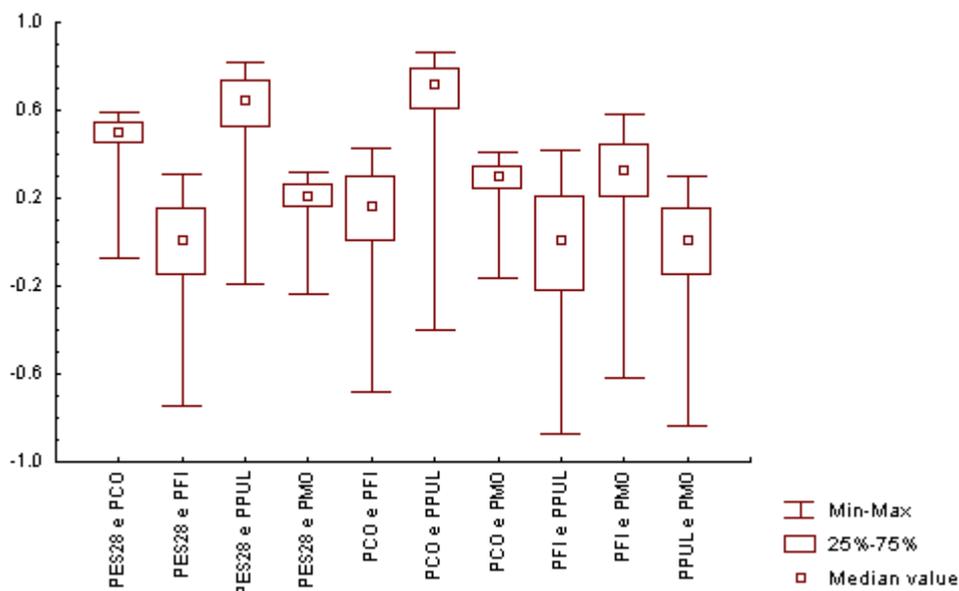
PES28 – peso aos 28 dias; PCO – peso do coração; PFI – peso do fígado; PPUL – peso do pulmão e PMO – peso da moela.

Os componentes de covariância genética aditiva entre peso aos 28 dias e peso do fígado, entre peso do fígado e peso do pulmão, entre peso do fígado e peso da moela e entre peso do pulmão e peso da moela não convergiram pelo teste Heidelberger e Welch. Estes resultados possivelmente devem estar influenciando no tamanho dos intervalos de credibilidade destas estimativas de correlações genéticas. Nos outros testes de convergência estes componentes de covariância não mostraram evidências contra convergência. Neste grupo de análise foram geradas outras cadeias modificando o número de iterações e intervalo de retirada, mesmo assim os intervalos de credibilidade continuaram amplos.

Ao compararmos os intervalos de credibilidade com as regiões de alta densidade das correlações genéticas, nota-se uma pequena assimetria, com predominância de valores altos para estes parâmetros. Estas observações sugerem que existe uma maior probabilidade dos valores das correlações genéticas estarem mais próximos do limite superior do que do limite inferior do intervalo.

A visualização da variabilidade e assimetria estão apresentadas nos gráficos de caixa (box-plot) mostrados na Figura 29.

FIGURA 29 - GRÁFICOS DE CAIXA DAS ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE AS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS



Entre as características pesos do fígado e pulmão, pesos aos 28 dias e fígado e pesos do pulmão e moela ocorreram maiores dispersões, como pode ser observado pelos comprimentos das caixas. Quanto à assimetria verifica-se que a distorção foi causada por alguns valores extremamente baixos do parâmetro. Visando ilustrar a monitoração da convergência por meio de análise gráfica são apresentados nas Figuras 30 e 31 os valores gerados das correlações genéticas ao longo das iterações (à esquerda) e as distribuições *a posteriori* (à direita) das características analisadas.

FIGURA 30 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DENSIDADE A *POSTERIORI* DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (A) PESOS AOS 28 DIAS COM CORAÇÃO, (B) FÍGADO, (C) PULMÃO E (D) MOELA E (E) PESOS DO CORAÇÃO E FÍGADO

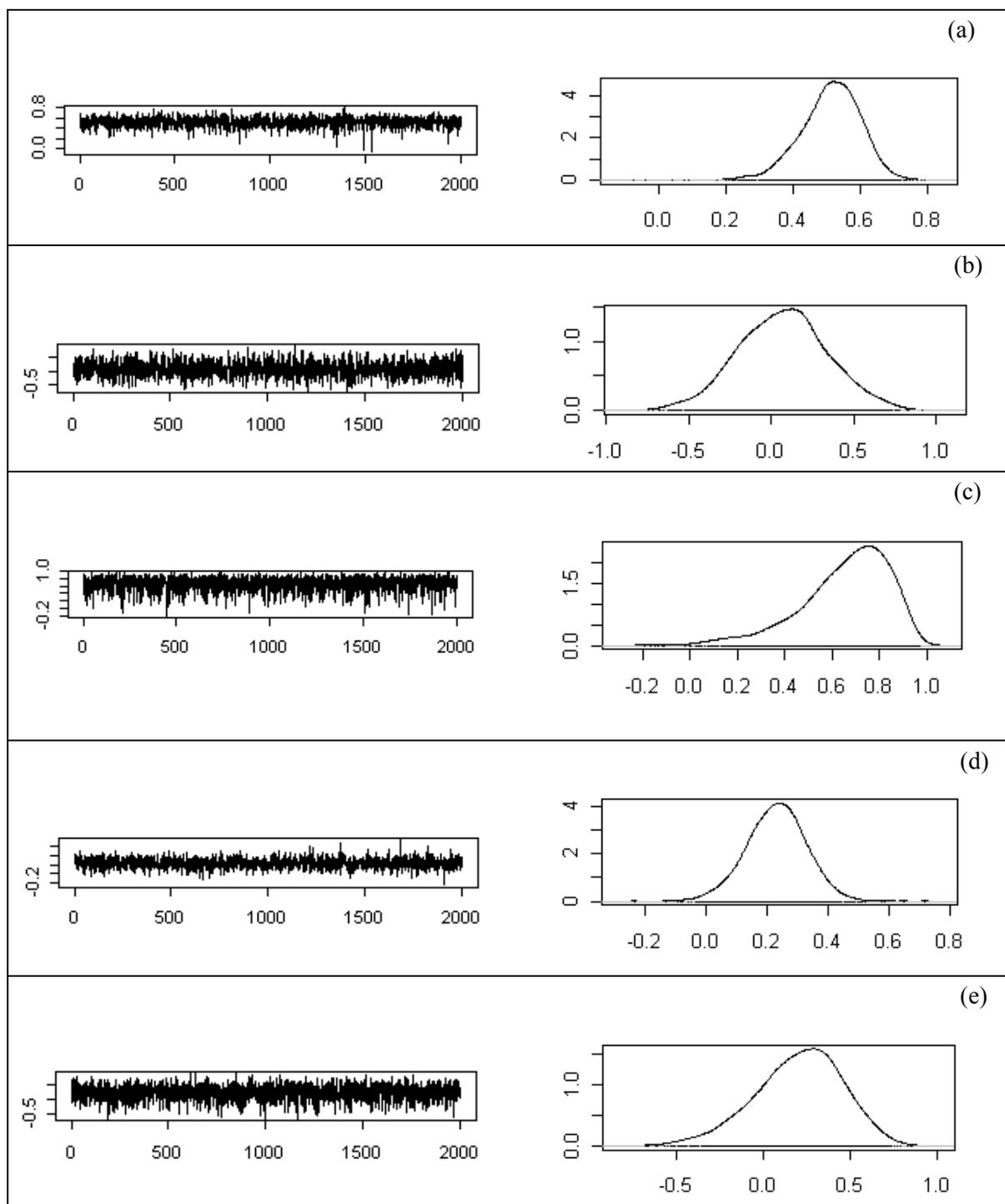
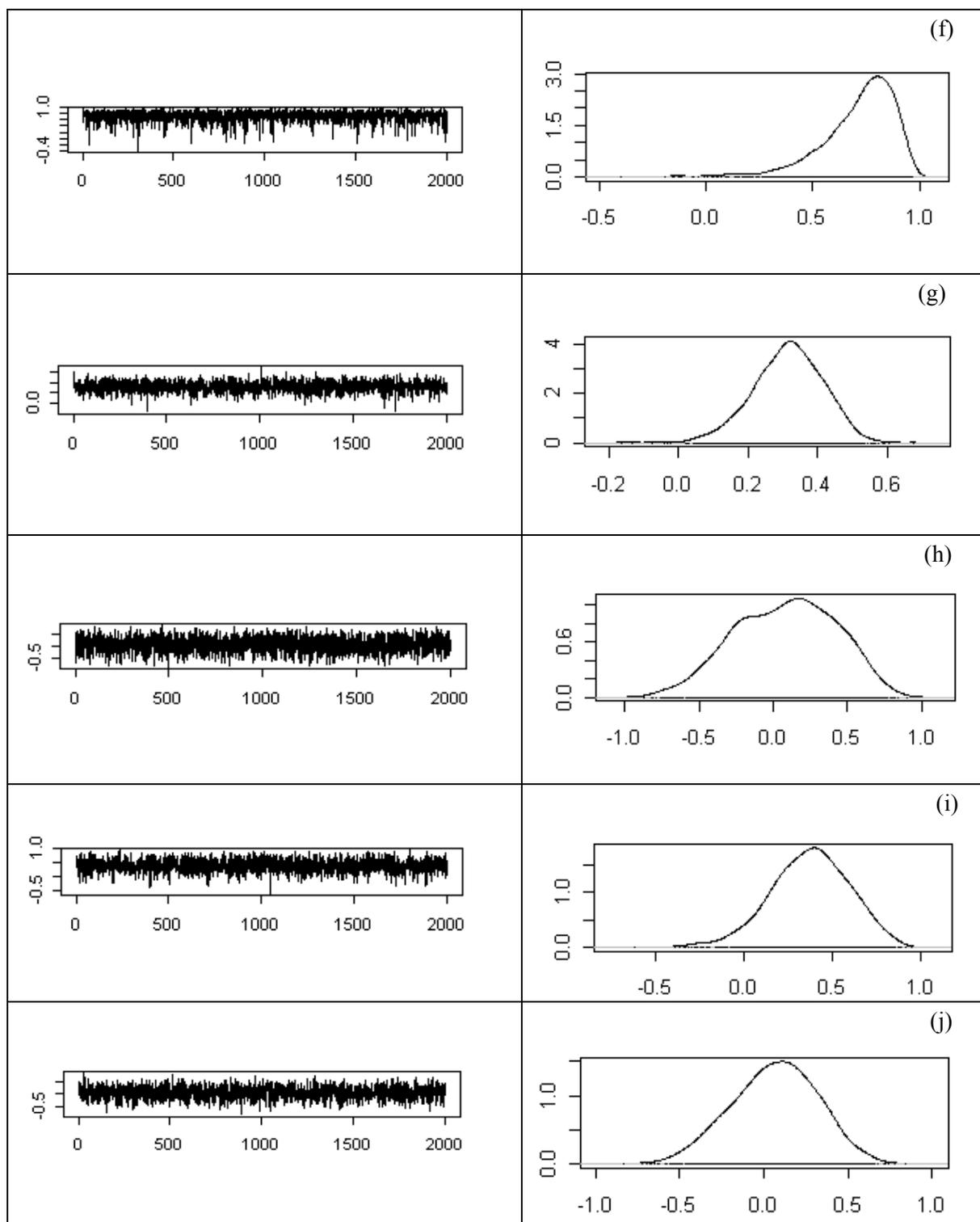


FIGURA 31 - TRAJETÓRIA DA CADEIA AO LONGO DAS ITERAÇÕES E APROXIMAÇÃO DA DISTRIBUIÇÃO A *POSTERIORI* DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE: (F) PESOS DO CORAÇÃO COM PULMÃO E (G) MOELA; (H) PESOS DO FÍGADO COM PULMÃO E (I) MOELA E (J) PESOS DO PULMÃO E MOELA



De acordo com as Figuras 30 e 31, observa-se que as diferentes cadeias se aproximaram de um valor constante ao longo das iterações, indicando indícios de convergência. Nota-se também nestes gráficos a presença de alguns valores baixos do parâmetro que provavelmente podem estar causando a assimetria à esquerda. As distribuições a *posteriori* das correlações genéticas entre peso aos 28 dias e peso do coração apresentaram uma menor dispersão, ou seja, a estimativa é mais precisa e entre os pesos do fígado e pulmão a dispersão foi maior.

O método de Monte Carlo, baseado em cadeias de Markov é uma ferramenta para resolução de muitos problemas práticos com modelos complexos na análise Bayesiana. Porém, relacionadas à convergência ainda merecem bastante pesquisa.

6 CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos neste trabalho pode-se concluir:

As herdabilidades para peso aos 14, 28 e 42 dias de idade foram de moderadas a altas indicando a possibilidade de resposta à seleção fenotípica direta.

As correlações genéticas obtidas entre os pesos a diferentes idades analisadas indicam que a seleção para peso ao abate (aos 49 dias) pode ser realizada em idades anteriores.

O peso corporal às quatro semanas pode ser utilizado como critério de seleção para a melhoria das características peso de carcaça, peito e pernas. O aumento do peso de carcaça resulta no aumento dos pesos de peito e pernas. As estimativas de herdabilidade altas das características de carcaça indicam que estas devem apresentar boas respostas à seleção.

As correlações genéticas do peso corporal às quatro semanas com peso do coração e do pulmão foram moderadas, mas foi baixa com o peso da moela. Estas correlações genéticas obtidas sugerem que os pesos do coração e pulmão podem ser aumentados com a seleção para alto peso corporal às quatro semanas, porém, o peso da

moela será pouco alterado.

A correlação genética do peso do coração com o peso do pulmão foi alta, mas foi baixa com o peso da moela. Os resultados obtidos indicam que a seleção para aumento do peso do coração pode proporcionar um aumento no peso do pulmão. O peso da moela sofrerá pouca alteração.

As correlações genéticas entre o peso do fígado e as características peso às quatro semanas e peso do pulmão e entre o peso do pulmão com peso da moela foram baixas e entre o peso do fígado e peso da moela a correlação genética foi moderada e precisam ser mais bem estudadas devido a problemas de convergência.

Com as estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo sugere-se que os pesos do coração, fígado e moela são capazes de responder à seleção.

A metodologia Bayesiana utilizando-se amostrador de Gibbs permitiu a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em modelos complexos, porém, a convergência merece maiores investigações.

REFERÊNCIAS

- ADEOGUN, I. O.; MBAP, S. T.; ABDUL, S. D. Heritability and genetic correlations of some egg quality traits in quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Tropical Agriculture**, v. 80, n. 2, p. 132-134, 2003.
- 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.
- AKSIT, M. et al. Genetic variation of feed traits and relationships to some meat production traits in Japanese quail (*Coturnix cot. japonica*). **Archiv fur Geflugelkunde**, v. 67, n. 2, p. 76-82, 2003. Resumo.
- AKTAN, S. et al. Some egg production characteristics and phenotypic correlations in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). **Hayvancilik Arastirma Dergisi**, v. 13, n. 1-2, p. 57-59, 2003.
- ALMEIDA, M. I. M. et al. Efeito de linhagem e nível protéico 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 – CNPGC, 2002.
- ALMEIDA, M. I. M. **Efeito de linhagem e nível protéico sobre o desempenho e características de carcaça de codornas (*Coturnix sp.*) criadas para corte**. Botucatu, 2001, 135 f. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista.
- AMIT, K. et al. Genetic parameters of some production and reproduction traits in Japanese quail. **Indian Journal of Animal Health**, v. 39, n. 1, p. 51-53, 2000.
- BARRETO, G. A.; ANDRADE, M. G. Estimaco paramétrica de modelos auto-regressivos via estatística Bayesiana e simulaco de Monte Carlo. 2000.
- BAUMGARTNER, J. Japanese quail production, breeding and genetics. **World's Poultry Science Journal**, Ithaca, NY, v. 50, n. 3, p. 227-235, 1994.
- BLOHOWIAK, C. C. et al. Body size, reproductive behavior, and fertility in three genetic lines of Japanese quail. **Poultry Science**, v. 63, p. 847-854, 1984.
- BORGATTO, A. F. **Modelos para proporçes com superdisperso e excesso de zeros – um procedimento Bayesiano**. Piracicaba, 2004, 90 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de So Paulo.

BOX, G. E. P.; TIAO, G. C. **Bayesian inference in statistical analysis**. New York: John Wiley, 1973.

BRAH, G. S.; CHAUDHARY, M. L.; SANDHU, J. S. Genetic analysis of body weight in three lines of Japanese quail. **Indian Journal of Poultry Science**, v. 32, n. 3, p. 242-248, 1997.

CASELA, G.; GEORGE, E. I. Explaining the Gibbs sampler. **The American Statistician**, v. 46, n. 3, p. 167-174, 1993.

CHAMBERS, J. R. Advantages and disadvantages of genetic improvement of meat-type poultry and possible solutions. In: SIMPÓSIO TÉCNICO DE MATRIZES DE CORTE, 1., 1995, Chapecó. **Anais ... Chapecó: Associação Paranaense de Avicultura**, 1995.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, Mg: UFV, 2001. 390 p.

DHALIWAL, S. K.; CHAUDHARY, M. L.; BRAH, G. S. Inheritance of body weights and egg production characters and their interrelationships in Japanese quails. **SARAS Journal of Livestock and Poultry Production**, v. 18, n. 3-4, p. 1-8, 2002.

EDRIS, M. A.; ALIVERDI, N. R. Genetic parameters of quail egg. **Pajouhesh va Sazandegi**, v. 4, n. 45, p. 136-139, 2000. Resumo.

EL-DEEN, M. B. Inheritance of sexual dimorphism in body weight and its relationship with growth and egg production traits in Japanese quail. **Egyptian Poultry Sciences**, v. 19, n. 3, p. 657-669, 1999.

ETSE, D. B. Selection to optimise economic response in growth and food utilisation efficiency in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). Proceedings of the Australian Poultry Science Symposium, 1990.

FALCÃO, A. J. S., 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. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva, Viçosa, Mg: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

GAMERMAN, D. **Simulação estocástica via cadeias de Markov**. Caxambu: ABE, 1996. 196 p.

GARCIA, E. A. Codornas para produção de carne. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2002. p. 97-108.

GARWOOD, V. A.; DIEHL, J. R. Body volume and density of live Coturnix quail and associated genetic relationships. **Poultry Science**, v. 66, p. 1264-271, 1987.

GILKS, W. R.; RICHARDSON, S. SPIEGELHALTER, D. J. **Markov chain Monte Carlo in practice**. London: Chapman and Hall, 1996. 486 p.

GIOLO, S. R. **Variáveis latentes em análise de sobrevivência e curvas de crescimento**. Piracicaba, 2003. 100 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista.

GUNES, H.; CERIT, H. Interrelationships between age of sexual maturity, body weight and egg production in the Japanese quail. **Veteriner Fakultesi Dergisi Istanbul**, v. 27, n. 1, p. 191-198, 2001.

HARTLEY, H. O.; RAO, J. N. K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v. 54, p. 93-108, 1967.

JONES, J. E.; HUGHES, B.L.; HALE, K.K. Coturnix DI carcass yield. **Poultry Science**, v. 58, p. 1647-1648, 1979.

KAWAHARA, T.; SAITO, K. Genetic parameters of organ and body weights in the Japanese quail. **Poultry Sciences**, v. 55, n. 4, p. 1247-1252, 1976.

KOÇAK, C.; ALTAN, O.; AKBAS, Y. Japon bildircinlerinin çeşitli verim özellikleri üzerine araştırmalar. **Tr. J. of Vet. and Anim. Sci.** v. 19, n. 1, p. 65-71, 1995. Resumo.

KUMAR, A. et al. Estimates of correlation among body weight at various weeks of age under different selection intensities in Japanese quail. **Indian Veterinary Journal**, v. 79, n. 1, p. 41-43, 2002.

LEVINE, D. M.; BERENSON, M. L.; STEPHAN, D. **Estatística: teoria e aplicações**. Tradução de T. C. P. Souza, RJ: Livros Técnicos e Científicos, 2000. 811 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva, Viçosa, Mg: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

LOPEZ, L. A.; IEMMA, A. F. On the estimation and prediction in mixed linear models. *Scientia*, v. 55, n. 2, p. 291-295, 1998.

MAEDA, Y.; OKAMOTO, S.; HASHIGUCHI, T. Genetic variation of liver lipid content of coturnix quail, ***Poultry Science***, v. 65, n. 2, p. 205-208, 1986.

MAGNABOSCO, C. U. et al. Implementação da amostragem de Gibbs para a estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore. Planaltina: Embrapa Cerrados, n.71. 50 p., 2001.

MANDAL, K. G. et al. Genetic parameters of various conformation traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). ***Indian Journal of Animal Health***, v. 33, n. 2, p. 77-82, 1994.

MANDAL, K. G. et al. Estimates of genetic parameters for some egg production traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). ***Indian Journal of Animal Health***, v. 33, n. 1, p. 49-54, 1994.

MANDAL, K. G. et al. Genetic parameters of slaughter traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). ***Indian Veterinary Journal***, v. 72, n. 1, p. 43-46, 1995.

MARCELINO, S. D. R. **Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados**. Piracicaba, 2000. 83 f. Dissertação – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. ***Scientia Agricola***, v. 57, n. 4, p. 643-652, 2000.

MARKS, H. L. Abdominal fat and testes weights in diverse genetic lines of Japanese quail. ***Poultry Science***, v. 69, n. 10, p. 1627-1633, 1990.

MARKS, H. L. Long-term selection for body weight in japanese quail under different environments. ***Poultry Science***, Champaign, v. 75, n. 10, p. 1198-1203, 1996.

MARTINS, E. N. Novos conceitos aplicados à produção de codornas. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2002. p. 109-112.

MÁS, H. A. R. et al. Rendimento de carcaça de codornas de corte submetidas a diferentes níveis protéicos e idades de abate. In: II SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 2004, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2004. p. 206.

McCARTHY, J. C.; SIEGEL, P. B. A review of genetical and physiological effects of selection in meat-type poultry. **Animal Breeding Abst.**, n. 51, p. 87-94, 1983.

MICHALSKA, E. Genetic parameters of early growth, feed intake and feed conversion in Japanese quail. **Animal Science Papers and Reports Polish Academy of Sciences**, v. 11, n. 3, p. 207-213, 1993.

MINVIELLE, F. Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world. In: ASIAN PACIFIC POULTRY CONGRESS, 6th., 1998, Nagoia. **Proceeding ... Nagoia : Japan Poultry Science Association, 1998.** p. 122-127.

MURAKAMI, A. E.; FURLAN, A.C. Pesquisas na nutrição e alimentação de codornas em postura no Brasil. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. **Anais... Lavras: UFLA, 2002.** p. 113-119.

NARAYAN, R. et al. Genetics of production traits in egg type Japanese quail. (1996). **Indian Journal of Veterinary Research**, v. 5, n. 2, p. 44-46, 1996.

NESTOR, K. E.; BACON, W. L. Divergent selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix japonica*.(1982) **Breeding and Genetics**, v. 61, p. 2137-2142, 1982.

NODA, K. et al. Genetic parameter estimates for egg weight and its related traits in Japanese quail. **Japanese Poultry Science**, v. 40, n. 2, p. J66-J70, 2003. Resumo.

NOGUEIRA, D. A. et al. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciências Agrotec**, p. 1614-1424, 2003.

NRC – NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient requirements of poultry**. 9. ed. Washington: National. Academy Press, 1994. 156 p.

ODUZ, Y.; TURKMUT, L. Effects of selection for four week body weight on some parameters in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) 1. Genetic parameters. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v. 23, p. 215-224, 1999. Resumo.

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

OGUZ, I.; AKBAS, Y.; ALTAN, O. Relationship of body weight at sexual maturity with body weights at various ages in lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week body weight. **Journal of Applied Animal Research**, v. 19, n. 2, p. 219-223, 2001.

OLIVEIRA, E. G. **Avaliação do desempenho, rendimento de carcaça e das características químicas e sensoriais de codornas para corte**. Botucatu, 2001. 96 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista.

OLIVEIRA, E. G. et al. Avaliação sensorial de carne de peito de codornas para corte, abatidas aos 35, 56 e 77 dias de idade. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 39., 2002, Recife. **Anais ...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002.

PANDA, B.; SINGH, R. P. Developments in processing quail meat and eggs. **World's Poultry Science Journal**, Ithaca, NY, v. 46, n. 11, p. 219-234, 1990.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. Procedimento "Mixed" do SAS para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, v. 56, p. 959-967, 1999.

PIRCHNER, F. **Population genetics in animal breeding**, Londres, p. 414, 1983.

PRAHARAJ, N. K.; AYYAGARI, V.; MOHAPATRA, S. C. Developments in processing quail meat and eggs. **World's Poultry Science Journal**, Ithaca, NY, v. 46, n. 11, p. 219-234, 1990.

REDDISH, J. M.; NESTOR, K.E.; LILBURN, M.S. Effect of selection for growth on onset of sexual maturity in randombred and growth-selected lines of Japanese quail. **Poultry-Science**, v. 82, n. 2, p. 187-191, 2003.

ROY, A. M.; KOLEY, N.; CHOUDHURI, G. Genetic studies on some traits of sexual maturity and egg production in the Japanese quail. **Experimental Genetics**, v. 8, n.1-2, p. 29-33, 1992.

SAATCI, M.; DEWI, I. A.; AKSOY, A. R. Application of REML procedure to estimate the genetic parameters of weekly liveweights in one-to-one sire and dam pedigree recorded Japanese quail. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, n. 1, p. 23-28, 2003.

SADJADI, M.; BECKER, W. A. Heritability and genetic correlations of body weight and surgically removed abdominal fat in *Coturnix* quail. **Poultry Science**, v. 59, p. 1977-1984, 1980.

SATO, K. et al. Genetic parameters of body weight, muscle weight and skeletal characteristics in Japanese quail. **Jikken Dobutsu**, v. 38, n. 1, p. 47-54, 1989. Resumo.

SEARLE, S. R. **Linear models for unbalanced data**. New York: John Wiley, 1987. 536 p.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley, 1992. 501 p.

SCHEFFÉ, H. **The analysis of variance**. New York: John Wiley, 1959. 477 p.

SEFTON, A. E.; SIEGEL, P. B. Inheritance of body weight in Japanese quail. **Poultry Science**, v. 53, p. 1597-1603, 1974.

SHAHIN, K. A. et al. Selection index alternatives for increased marketing body weight with minimum concomitant reduction in body bone percentage-recourse to tissue dissection on Japanese quail. **Archiv fur Tierzucht**, v. 43, n. 5, p. 535-543, 2000. Resumo.

SHANAWANY, M. M. Hatching weight in relation to egg weight in domestic birds. **World's Poultry Science**, v. 43, p. 107-115, 1987.

SHOEMAKER, J. S. et al. A Bayesian characterization of Hardy-Weinberg disequilibrium. **Genetics**, v. 149, p. 2079-2088, 1998.

SIEGEL, P. B.; DUNNINGTON, E. A. Reproductive complications associated with selection for broiler growth. **Poultry genetics and breeding**, Londres: British Poultry Science: 59-72, 1985.

SINGH, R. V.; NARAYAN, R. Produção de codornas nos trópicos. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 1., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2002. p. 27-35.

SUTEDJO, H.; PYM, R. A. E. Selection for growth rate, feed efficiency and body fatness in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, August, 2002. Session-10. 2002. p. 0-4.

TOELLE, V. D. et al. Genetic and phenotypic relationships in Japanese quail. 1. Body weight, carcass, and organ measurements. **Poultry Science**, Ohio, v.70, n. 8, p. 1679-1688, 1991.

UDDIN, M. S.; PAUL, D. C.; HUQUE, Q. M. E. Effect of egg weight and pre-incubation holding periods on hatchability of Japanese quail eggs in different seasons. **Asian Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 7, n. 4, p. 499-503, 1994.

VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood based (co)variance component inference. **Journal of Animal Sciences**, v. 74, p. 2586-2597, 1996.

VIANA, C. F. A. et al. Influência de grupos genéticos e de níveis de energia sobre características de carcaça de frangos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n.4, p. 1067-1073, 2000.

WYATT, J. F. M.; SIEGEL, P.B.; CHERRY, J. A. Phenotypic relationships between adiposity, breast weight, and body weight in female Japanese quail. **Poultry Science**, v. 61, p. 643-646, 1982.

YANG, N. et al. Forty generations of bidirectional selection for mating frequency in male Japanese quail. **Poultry Science**, v. 77, n. 10, p. 1469-1477, 1998.