

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ASPECTOS GENÉTICOS DE CURVAS DE  
PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS

Autor: Robson Marcelo Rossi  
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

M A R I N G Á  
Estado do Paraná - Brasil  
Novembro de 2008

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ASPECTOS GENÉTICOS DE CURVAS DE  
PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS

Autor: Robson Marcelo Rossi  
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração Produção Animal.

M A R I N G Á  
Estado do Paraná - Brasil  
Novembro de 2008

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)  
(Biblioteca Central - UEM, Maringá – PR., Brasil)

R833a Rossi, Robson Marcelo  
Aspectos genéticos de curvas de probabilidade de  
postura em codornas / Robson Marcelo Rossi. -- Maringá  
: [s.n.], 2008.  
118 f. : il.

Orientador : Prof. Dr. Elias Nunes Martins.  
Tese (doutorado) - Universidade Estadual de  
Maringá, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, área  
de concentração Produção Animal, 2008.

1. Codornas japonesas - Avaliação genética. 2.  
Codornas japonesas - Curvas de postura. 3. Codornas  
japonesas - Análise Bayesiana. I. Universidade  
Estadual de Maringá, Programa de Pós-graduação em  
Zootecnia, área de concentração Produção Animal. II.  
Título.

CDD 21.ed.636.6



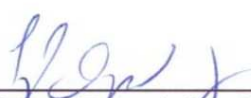
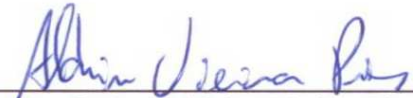
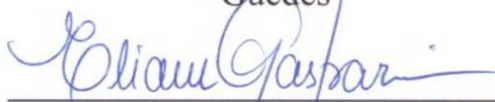

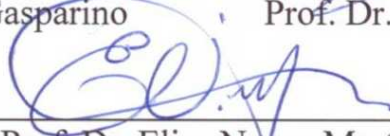
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ASPECTOS GENÉTICOS DE CURVAS DE  
PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS

Autor: Robson Marcelo Rossi  
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

TITULAÇÃO: Doutor em Zootecnia  
Área de Concentração Produção Animal

APROVADA em 17 de novembro de 2008.

 _____ Prof.ª Dr.ª Terezinha Aparecida Guedes	 _____ Prof. Dr. Aldrin Vieira Pires
 _____ Prof.ª Dr.ª Eliane Gasparino	 _____ Prof. Dr. Leonardo Martin Nieto
 _____ Prof. Dr. Elias Nunes Martins (Orientador)	

*Deus nos fez perfeitos e não escolhe os capacitados, capacita os escolhidos.*

*Fazer ou não fazer algo só depende de nossa vontade e perseverança.*

*(Albert Einstein)*

À minha família:

meu pai **Oswaldo Rossi**,  
minha mãe **M<sup>a</sup> de Fátima G. Rossi**,  
minha irmã **Helen Patrícia R. Rodrigues**,  
ao meu cunhado **Wendel J. Rodrigues** e  
meu sobrinho afilhado **Diego**,

DEDICO.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, saúde e o privilégio de poder aprender.

À minha família, por tudo.

Ao Prof. Dr. **Elias Nunes Martins**, pela dedicada orientação, ajuda, incentivo, ensinamentos transmitidos, pelo exemplo de profissional, pela confiança em mim depositada, pelas oportunidades oferecidas e especialmente pela amizade.

À Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. **Terezinha Aparecida Guedes**, pelas valiosas sugestões, companheirismo e amizade.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UEM, pelos ensinamentos.

Aos meus amigos da Pós-Graduação: **Alexandre Leseur**, **Dani Lino**, **Fabiana Martins** e **Leonir Bueno** e ao amigos **Fabiano Lindolpho** e **Ricardo Oliveira** pela amizade, companheirismo e apoio.

Aos integrantes da banca de qualificação e de defesa, Prof. Dr. **Aldrin V. Pires**, Prof. Dr<sup>a</sup>. **Eliane Gaparino** , Prof. Dr. **Carlos A. L. de Oliveira**, Prof. Dr. **Leonardo**

**M. Nieto**, Prof. Dr<sup>a</sup>. **Meiby C. de Paula** e Prof. Dr<sup>a</sup>. **Terezinha A. Guedes**, pelas valiosas sugestões que vieram a enriquecer o presente trabalho.

Aos companheiros(as) da Pós-graduação do Departamento de Zootecnia e de Estatística da UEM que direta ou indiretamente trabalharam comigo, pelos momentos agradáveis que passamos juntos e amizade.

## BIOGRAFIA DO AUTOR

**ROBSON MARCELO ROSSI**, filho de Osvaldo Rossi e Maria de Fátima Garcia Rossi, nasceu em 3 de setembro de 1972 na cidade de Maringá, Estado do Paraná.

Cursou a graduação em Matemática da Universidade Estadual de Maringá, Paraná (UEM), no período de 1991 a 1995.

Em 1997, obteve o título de Especialista em Estatística Aplicada pelo Departamento de Estatística da UEM.

Em 2000, iniciou o Mestrado no Curso de Pós-Graduação em Estatística pela Universidade Federal de São Carlos, São Paulo (UFSCar), área de concentração Inferência Bayesiana, cujo título obteve em 2002.

Em 2002, ingressou no corpo docente do Departamento de Estatística da UEM como professor assistente.

Em 2006, ingressou no curso de Pós-Graduação em Zootecnia da UEM, em nível de Doutorado, área de concentração Produção Animal, realizando pesquisas na área de Melhoramento Genético Animal, em Coturnicultura. O título foi obtido em 17 de novembro de 2008.



## ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS .....	viii
LISTA DE FIGURAS .....	x
RESUMO .....	xi
ABSTRACT .....	xiii
I. INTRODUÇÃO .....	15
1.1. Coturnicultura no Brasil .....	15
1.2. Melhoramento genético de codornas .....	16
1.3. Curvas de produção de ovos .....	17
1.4. Modelos Bayesianos no melhoramento genético .....	20
1.5. Estruturas de (co)variância.....	22
1.6. Interação genótipo x ambiente .....	24
1.7. Predição de valores genéticos e uso de índice de seleção.....	25
1.8. Amostragem na produção de ovos.....	27
1.9. Motivações para pesquisa .....	28
LITERATURA CITADA .....	29
II. OBJETIVOS GERAIS .....	36

III. CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS .....	37
Resumo.....	37
Abstract.....	38
Introdução.....	39
Material e Métodos.....	40
Resultados e Discussão .....	47
Conclusões.....	51
Agradecimentos.....	52
Literatura Citada.....	52
IV. ASPECTOS GENÉTICOS DE CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS .....	53
Resumo.....	53
Abstract.....	54
Introdução.....	55
Material e métodos.....	56
Resultados e discussão .....	63
Conclusões.....	72
Agradecimentos.....	73
Literatura citada.....	73
V. INFLUÊNCIA DAS COLETAS SISTEMÁTICAS E PARCIAIS NA SELEÇÃO DE CODORNAS POR MEIO DE CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA .....	76
Resumo.....	76
Abstract.....	77
Introdução.....	78
Material e métodos.....	79
Resultados e discussão .....	85
Conclusões.....	94
Agradecimentos.....	94
Literatura citada.....	94
VI. CONCLUSÕES GERAIS .....	96
APÊNDICES.....	97

## LISTA DE TABELAS

	Página
III. CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS .....	37
Tabela 1 - Estrutura dos dados.....	41
Tabela 2 - Produção média <i>a posteriori</i> de ovos/ave no período de observação (90 dias).....	48
Tabela 3 - Sumário <i>a posteriori</i> para os parâmetros dos modelos.....	49
Tabela 4 - Critério de Informação de deviance (DIC).....	49
Tabela 5 - Estimativas <i>a posteriori</i> das distribuições dos contrastes entre parâmetros das curvas médias de probabilidade de postura, por meio do Modelo M <sub>2</sub> .....	50
IV. ASPECTOS GENÉTICOS DE CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS.....	53
Tabela 1 - Estrutura dos dados.....	57
Tabela 2 - Médias <i>a posteriori</i> dos parâmetros da curva de probabilidade de postura de codornas submetidas à Dieta 1: 2.900 Kcal/kg de EM e Dieta 2: 2.500 Kcal/kg de EM.....	59
Tabela 3 - Estimativas <i>a posteriori</i> dos componentes de (co)variância genéticos e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$ e $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$ e $\beta_2$ )-Linhagem amarela.....	66
Tabela 4 - Estimativas <i>a posteriori</i> dos componentes de (co)variância genéticos e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$ e $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$ e $\beta_2$ )-Linhagem azul.....	67
Tabela 5 - Estimativas <i>a posteriori</i> dos componentes de (co)variância genéticos e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$ e $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$ e $\beta_2$ )-Linhagem vermelha.....	68
Tabela 6 - Médias <i>a posteriori</i> da correlação genética para os coeficientes das curvas de probabilidade de postura em diferentes níveis de energia.....	69

V. INFLUÊNCIA DAS COLETAS SISTEMÁTICAS E PARCIAIS NA SELEÇÃO DE CODORNAS POR MEIO DE CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA.....	76
Tabela 1 - Estrutura dos dados.....	80
Tabela 2 - Estimativas <i>a posteriori</i> dos parâmetros de (co)variâncias genéticas ( $\sigma_a^2$ e $\sigma_{a_{\alpha\beta}}$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) para os coeficientes da curva de postura para as diferentes coletas amostrais sistemáticas, em análises bi-características.....	88
Tabela 3 - Estimativas <i>a posteriori</i> dos parâmetros de (co)variâncias genéticas ( $\sigma_a^2$ e $\sigma_{a_{\alpha\beta}}$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) para os coeficientes da curva de probabilidade de postura para as diferentes coletas amostrais parciais, em análises bi-características.....	89
Tabela 4 - Médias <i>a posteriori</i> da herdabilidade (na diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e correlação fenotípica (abaixo da diagonal) para os parâmetros das curvas de probabilidade de postura, nas coletas amostrais sistemáticas e total.....	92
Tabela 5 - Médias <i>a posteriori</i> da herdabilidade (na diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e correlação fenotípica (abaixo da diagonal) para os parâmetros das curvas de probabilidade de postura, nas coletas parciais e total.....	93
Tabela 6 - Correlações não-paramétricas de Spearman, $r_{(s,total)}$ , e taxas de coincidências (C%) entre índices de seleção obtidas nas coletas sistemáticas, parciais e a total dos 100 melhores animais classificados.....	94

## LISTA DE FIGURAS

	Página
III.- CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA EM CODORNAS.....	37
Figura 1 - Probabilidade de postura para a produção diária média <i>a posteriori</i> de ovos, por meio do modelo $M_2$ .....	51
V. INFLUÊNCIA DAS COLETAS SISTEMÁTICAS E PARCIAIS NA SELEÇÃO DE CODORNAS POR MEIO DE CURVAS DE PROBABILIDADE DE POSTURA.....	76
Figura 1 - Comparação gráfica entre curvas de probabilidade de postura média <i>a posteriori</i> para a produção de ovos, considerando as coletas sistemáticas 2x7 (duas vezes por semana), 1x7 (uma vez por semana) e 1x14 (uma vez a cada duas semanas) e a coleta total (90 dias).....	86
Figura 2 - Comparação gráfica entre curvas de probabilidade de postura média <i>a posteriori</i> para a produção de ovos, considerando as coletas parciais (coletas em 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos) e a coleta total (coletas em 90 dias consecutivos).....	86

## RESUMO

No presente trabalho os objetivos foram: ajustar uma curva para a postura diária de ovos em três linhagens de codornas (*Coturnix coturnix japonica*); estimar os parâmetros genéticos dos parâmetros da curva; verificar se a seleção animal é influenciada pela coleta sistemática ou parcial da postura de ovos em vez da coleta diária total. Foram utilizados registros individuais diários de postura, até 90 dias de produção a contar do primeiro ovo no lote, de 308, 374 e 378 aves, respectivamente, nas linhagens amarela, azul e vermelha criadas na Fazenda Experimental da Universidade Estadual de Maringá, Paraná, Brasil. As aves foram alimentadas com dois níveis de energia distintos e separados em dois grupos de eclosão. Para o primeiro estágio de análises, isto é, o ajuste da curva, verificou-se por meio do critério de informação da “deviance” (DIC), que a melhor curva é a descrita por uma função logística com efeitos aleatórios. Considerando grupo de eclosão e dieta, observou-se que as mesmas não apresentaram efeito significativo na composição do modelo. Desta forma, a curva  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ , em que  $\theta_{ij}$  é a probabilidade de postura da ave  $i$  no dia  $t_j$ , e os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  que representam, respectivamente, o início da postura e a evolução da postura (ou velocidade de alcance ao pico de postura), foi suficiente para modelar os dados. Observou-se que as linhagens diferiram significativamente ( $p < 0,05$ ), considerando os parâmetros da curvas de postura média. Para o segundo estágio de análises em que são estimados os parâmetros genéticos, os parâmetros da curva foram analisados em um modelo animal bi-característico, no qual observou-se que, dentro de cada linhagem, não houve diferenças entre os componentes de (co)variância e herdabilidades quando as aves foram alimentadas com rações contendo diferentes níveis de energia, indicando que não houve heterogeneidade de variância entretanto, observou-se valores nas correlações genéticas na ordem de 0,53 a 0,65 para o parâmetro  $\alpha$ , e de 0,28 a 0,30 para  $\beta$ , que indicam interação genótipo x ambiente. As estimativas de herdabilidades para os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , na dieta de energia recomendada foram 0,21 e

0,50, 0,12 e 0,49, 0,12 e 0,48; e na dieta de baixa energia foram 0,23 e 0,50, 0,13 e 0,50, 0,10 e 0,47, respectivamente, nas linhagens amarela, azul e vermelha. Para ambos níveis de dietas a herdabilidade para o parâmetro  $\beta$  é alta, indicando que possuem variação genética aditiva que permitem uma boa resposta à seleção. As distribuições *a posteriori* para os componentes de (co)variância e para as herdabilidades mostraram-se diferentes entre linhagens para os dois parâmetros da curva, entretanto o fato de a linhagem amarela apresentar herdabilidade maior para o parâmetro  $\alpha$ , indica maior potencial para mudanças por seleção para a produção na fase inicial de postura. Baseado na linhagem amarela observou-se, nas coletas sistemáticas e parciais, superestimação dos parâmetros da curva média de produção em relação a da amostra total (referência). Os valores das herdabilidades, para o parâmetro que representa o início da postura foram 0,54, 0,14, 0,12 e 0,07, para o parâmetro que representa a evolução da postura foram; 0,36, 0,37, 0,40 e 0,47, respectivamente, nas coletas sistemáticas e total. Nas coletas parciais e total, respectivamente, considerando estas mesmas características os valores foram 0,04, 0,03, 0,06, 0,12, 0,17 e 0,25; 0,25, 0,33, 0,33, 0,32, 0,41 e 0,51. Verificou-se nas coletas sistemáticas que enquanto os valores de herdabilidade para o primeiro parâmetro decrescem, no segundo apresentam comportamento inverso à medida que a quantidade amostral aumenta, no entanto, nas coletas parciais, os valores crescem para ambos os parâmetros. Por meio de um índice de seleção combinado pelas estimativas dos parâmetros genéticos da curva de produção, averiguou-se que a correlação entre os escores dos animais selecionados foi baixa, com valores entre -0,13 e +0,13, incidindo em taxas de coincidências entre 0% e 3%, considerando os 100 melhores animais, indicando o comprometimento da classificação.

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

## ABSTRACT

In this study the objectives were: to adjust a curve for daily eggs laying in three quails strains (*Coturnix coturnix japonica*); to estimate the genetic parameters of the curve parameters; to verify if the animal selection is influenced by the systematic or partial collection of laying instead of total daily collection. Daily individual records of laying were used, up to 90 days of laying production counting from the first egg in the batch of 308, 374 and 378 birds, respectively, among yellow, blue and red strains raised in the Experimental Farm at the State University of Maringa, Parana, Brazil. The birds were fed two levels of energy and allotted into two distinct groups of hatching. For the first stage of analysis, or for the curve adjustment, it was found through the information criteria for "deviance" (DIC), that the best curve is described by a logistic function with random effects. Considering hatching group and diet, it was observed that they had no significant effect on the model composition. Thus, the curve  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_{ij}) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_{ij})]$ , where  $\theta_{ij}$  is the laying probability of the bird  $i$  on day  $t_j$ , and the parameters  $\alpha$  and  $\beta$  that represent, respectively, The beginning and the laying evolution or speed to reach the peak laying, was sufficient to model the data. It was observed that the lines differed significantly ( $p < 0.05$ ), considering the parameters of the average curves posture. For the second stage of tests in which there was estimated the genetic parameters, the curve parameters were analyzed in an animal bi-characteristic model, in which it was observed that, within each line, there was no difference between the components of (co)variance and heritability when the birds were fed with diets containing different levels of energy, indicating that there was no heterogeneity of variance however, it was observed a significant genetic correlation values in the order of 0.53 to 0.65 for the parameter  $\alpha$  and of 0.28 to 0.30 for  $\beta$ , which indicate genotype environment interaction. Estimates of heritability for the parameters  $\alpha$  and  $\beta$ , in the recommended energy diet were 0.21 and 0.50, 0.12 and 0.49, 0.12 and 0.48, and in the low-energy diet were 0.23 and 0.50, 0.13 and 0.50, 0.10 and 0.47,



respectively, in the yellow, blue and red strains. For both levels of diet the heritability for the parameter  $\beta$  is high, indicating that they have an additive genetic variation that allow a good response to selection. The later distributions to the components of (co)variance and the heritability were different between strains for the two curve parameters, but the fact that the yellow line had a higher heritability for the parameter  $\alpha$ , indicates a greater potential for changes in selection for production at the initial stage of laying. Based on the yellow line it was observed in the systematic and partial collection, an overestimation of the parameters of the average production curve in relation of the total sample (reference). The heritability values, for the parameter that represents the beginning of laying were 0.54, 0.14, 0.12 and 0.07; for the parameter that represents the laying evolution were 0.36, 0.37, 0.40 and 0.47, respectively, in total and systematic collection. In partial and total collections, respectively, considering these same characteristics the values were 0.04, 0.03, 0.06, 0.12, 0.17 and 0.25, 0.25, 0.33, 0.33 , 0.32, 0.41 and 0.51. It was found in the systematic collection that while the values of heritability for the first parameter decrease in the second round exhibit an inverse behavior as the sample quantity increases, however, in partial collections, the values increase for both parameters. Through a combined selection index by the estimative of genetic parameters of the production curve, it was observed that the correlation between the scores of selected animals was low, with values between -0.13 and +0.13, focusing on coincidences rates between 0% and 3%, considering the top 100 animals, indicating ranking problems.

**Key words:** bayesian analysis, nonlinear production curves, binary data correlated, animal model, genetic parameters, animal selection

## I. INTRODUÇÃO

### 1.1. Coturnicultura no Brasil

A codorna é uma ave que existe desde a antiguidade na Europa e foi levada primeiramente para a Ásia - China, Coréia e, depois, para o Japão. Atualmente é criada em cativeiro, sendo resultado de vários cruzamentos efetuados no Japão e na China, a partir da subespécie selvagem *Coturnix coturnix japonica*. No Brasil, as codornas foram trazidas por imigrantes italianos e japoneses, na década de 50. A partir daí sua produção vem se consolidando, tornando-a uma importante alternativa alimentar no país (Matos, 2007).

A coturnicultura tem apresentado um desenvolvimento bastante acentuado nos últimos tempos e os principais fatores que contribuem para isso são: o excepcional sabor exótico de sua carne, responsável por iguarias finas e sofisticadas; seu ovo tem sabor semelhante ao ovo da galinha, menos colesterol, e ainda é tido como afrodisíaco; o baixo custo para implantar uma pequena criação, podendo se tornar uma fonte de renda complementar dos pequenos produtores rurais. Do lado técnico-econômico, torna-se ainda mais atrativa, ao verificar-se o rápido crescimento e alcance da idade de postura, a elevada prolificidade e o pequeno consumo de ração (Matos, 2007).

No Brasil, há ainda um pequeno número de incubatórios que comercializam pintainhos de codornas, destacando-se três de maior porte, localizados no Rio de

Janeiro, São Paulo e Pernambuco. Todavia, não existe ainda, no país, nenhum programa racional de melhoramento genético de codornas de postura e, como resultado, tem-se observado reduções na postura e viabilidade, possivelmente causadas pela endogamia, como consequência da ausência de estratégias de acasalamento. Assim, na tentativa de evitar quedas no desempenho, os matrizeiros buscam seguidamente a alternativa de importarem material genético de outros países (Matos, 2007).

## 1.2. Melhoramento genético de codornas

O desenvolvimento de material genético superior se dá por meio seleção animal nos programas de melhoramento genético. Plantéis de reprodução formados a cada geração, a partir da seleção dos animais geneticamente superiores, são multiplicados para formar a próxima geração. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características que serão utilizadas como critério de seleção (Martins et al., 1997; Martins, 2002a).

Os métodos indicados para a estimação dessas (co)variâncias já estão, relativamente bem definidos (Gianola & Fernando, 1986) e as estimativas podem variar de acordo com a população e com o ambiente em que os indivíduos são criados. Todavia, se os filhos são criados em condições de ambiente diferentes daquelas em que os pais foram selecionados o resultado da seleção dependerá da correlação entre os valores genéticos expressos nos dois ambientes, isto é, interação genótipo x ambiente (Martins, 2002b).

Normalmente nos programas de seleção, os animais são submetidos a condições ambientais superiores àquelas a que seus filhos serão submetidos nas criações comerciais. Um dos fatores que freqüentemente geram condições ambientais inferiores

nas criações comerciais é a qualidade nutricional das rações utilizadas. Assim, torna-se necessário avaliar se as linhagens de codorna de postura apresentam as mesmas propriedades genéticas quando alimentadas com rações com diferentes composições, como densidades distintas de energia.

### 1.3. Curvas de produção de ovos

O comportamento da produção de ovos como critério de seleção é uma abordagem recente nos programas de melhoramento. A utilização de dados longitudinais (produção diária, semanal, mensal ou em períodos específicos) em vez de dados acumulados (produção total), pode produzir melhores resultados, visto que toda informação é ajustada no modelo, além de obter valores de herdabilidade mais representativos.

Sapp et al. (2005) comparam modelos para dados longitudinais (*Longitudinal Multiple-Trait*) com modelos para dados acumulados (*Cumulative Single-Trait*) simulados de produção de ovos em galinhas de postura e concluem pela preferência de um modelo longitudinal, principalmente quando há presença de dados perdidos.

Em estudos de melhoramento genético, é comum a estrutura de dados apresentar observações de um mesmo indivíduo ao longo do tempo, além da estrutura de parentesco entre grupos desses indivíduos. Gianola (2001) relata que modelos hierárquicos ou em múltiplos estágios para dados longitudinais, podem ser assumidos. Inicialmente a análise envolve a utilização de funções matemáticas, que geralmente descrevem curvas de crescimento, lactação e produção, por exemplo, e fornecem interpretação biológica dos parâmetros, são usadas para descrever a trajetória esperada dos indivíduos e um resíduo estocástico reflete alguma distribuição das observações em

sua trajetória (são estimados aqui os parâmetros da curva de cada indivíduo). Posteriormente, um submodelo é usado para descrever a variação dos parâmetros especificados inicialmente entre indivíduos; geralmente são incluídos os efeitos genéticos e ambientais. Os estudos com dados longitudinais permitem a incorporação de uma estrutura de dependência entre as observações repetidas numa mesma unidade amostral; não se restringem aos dados balanceados ou regulares no tempo além de permitir a inclusão de covariáveis na análise.

Em se tratando de resposta binária como, por exemplo, postura diária de aves, os modelos considerados para análise podem ser classificados em dois grupos: os modelos logísticos binários generalizados para dados multivariados, considerando uma particular representação parametrizada para as correlações que usam a noção de efeitos aleatórios na estrutura de regressão logística; os modelos que são obtidos introduzindo uma função de ligação que usa uma função de distribuição acumulada inversa. Modelos do tipo Probit Multivariado (MVP) e t-Multivariada (MVT) são modelos que pertencem a este último grupo. O modelo MVP foi introduzido por Ashford & Sowden (1970).

Chib & Greenberg (1998) usaram o modelo MVP na abordagem Bayesiana.

A literatura é vasta sobre os modelos não-lineares considerando efeitos aleatórios (Liang & Zeger, 1986; Lidstrom & Bates, 1990; Fitzmaurice et al., 1996, entre outros) e considerando que a produção de ovos apresenta tal comportamento, além da grande importância na avicultura mundial, vários pesquisadores dedicam-se ao seu estudo, por meio da construção de diferentes modelos matemáticos para descrevê-la (McNally, 1971; McMillan et al., 1970; Gavora et al., 1982; Yang et al., 1989; Cason & Ware, 1990; Piccinin et al., 2003, entre outros).

McMillan et al. (1970) elaboraram algumas equações com o objetivo de melhorar a predição da produção de ovos de poedeiras.

Yang et al. (1989) propuseram uma modificação no modelo de McMillan e colaboradores, proposto em 1970, ao introduzirem a covariável maturidade sexual da ave. Em codornas, Piccinin et al. (2003) investigaram alguns destes modelos de curvas de postura e concluíram que o de McMillan e colaboradores oferece o melhor ajuste. Piccinin et al. (2004) apresentaram um modelo alternativo por meio de uma técnica não-paramétrica, para ajustes polinomiais, visto que tais modelos não pressupõem requisitos que na metodologia paramétrica são necessários, e concluíram que tal metodologia, por empregar o parâmetro de alisamento da curva, que controla o grau de irregularidade dos dados, é adequada para descrever a curva de postura de codornas.

Em estudos cujos dados são respostas binárias ou dicotômicas, normalmente assumem-se que as observações, quando tomadas longitudinalmente, são independentes, o que não reflete a realidade biológica, já que são observações de um mesmo indivíduo ao longo do tempo. Os métodos padrões de regressão são inadequados por vários motivos, entre eles podem-se citar que as (co)variáveis podem ser fixas para todos os tempos ou variar nos tempos; existe o fator tempo; observações repetidas para a mesma unidade experimental tendem a ser correlacionadas (Janeiro, 2000). Modelos propostos para ajustar a regressão com variáveis binárias correlacionadas podem ser vistas em Haseman & Kupper (1979).

Prentice (1988) apresenta uma ampla revisão abordando várias estratégias de modelagem usando análise de regressão linear generalizada de dados binários correlacionados com associação de covariáveis a cada resposta binária.

#### 1.4. Modelos Bayesianos no melhoramento genético

Métodos Bayesianos vêm sendo utilizados como ferramenta de análise de dados, desde a década de 80, para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para a avaliação do animais (Gianola & Fernando, 1986; Weigel & Gianola, 1993 e 2000;; Van Tassel & Van Vleck, 1996; Sorensen, 1996; Weigel & Rekaya, 2000; Leandro, 2001; Luo et al., 2001 e 2002; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003). Estes métodos permitem a análise de grandes conjuntos de dados, não requerem soluções para as equações de modelos mistos e propiciam estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos das características de interesse.

Achcar & Janeiro (2002) estudaram, sob o enfoque bayesiano, estruturas de dados binários correlacionados na presença de covariáveis com e sem réplicas considerando os modelos de regressão não-lineares com funções de ligação probito e logito, assumindo efeito fixo, aleatório e com distribuições Normais mistas, por meio de métodos de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC). Os autores concluem que a abordagem Bayesiana é apropriada para a obtenção de sumários *a posteriori* de interesse, já que usualmente, em experimentos envolvendo dados binários correlacionados, existem várias covariáveis de interesse, o que acarreta em um grande número de parâmetros.

Tradicionalmente, por facilidade de implementação, os estágios, como cita Gianola (2001) são realizados de forma independente, isto é, no primeiro não há estrutura de parentesco entre animais, e os parâmetros de uma função do tempo são estimados para cada animal. Informações genéticas são inseridas em um segundo

estágio da análise. Fitzhugh (1976), Wakefield et al. (1994), Zucker et al. (1995), Piccinin et al. (2004), entre outros, são exemplos citados na literatura.

Varona et al. (1997) propuseram um procedimento Bayesiano em um modelo hierárquico para respostas normalmente distribuídas, para estimar conjuntamente os parâmetros das curvas de produção animal, assim como os seus componentes de (co)variâncias afim de evitar problemas que a modelagem em dois estágios pode proporcionar como, por exemplo, baixa acurácia de predição e sobre estimação. Quando informações de cada animal e de seus parentes são utilizadas de forma conjunta, os parâmetros do modelo podem ser preditos com maior precisão, animais com poucos registros não necessitam ser excluídos das análises e o erro de ajuste dos parâmetros é considerado na estimação dos componentes de (co)variâncias. O modelo é flexível sendo possível verificar diferenças entre os níveis dos efeitos sistemáticos sobre os parâmetros da curva, além de reduzir o efeito ou influência de valores discrepantes nos dados, já que informações *a priori* obrigam que a amostragem ocorra em uma região do espaço paramétrico de alta probabilidade.

Varona et al. (1999) analisando dados simulados sob a função de Von Bertalanffy, compararam dois métodos distintos: o primeiro em dois passos, isto é, estimando os parâmetros individuais de cada curva para cada animal e em seguida, estimando os componentes do modelo animal multivariado; e o segundo procedimento de estimação conjunta. Os autores observaram falhas no primeiro método, que apresentou estimativas de variâncias residuais superiores aos valores fixados na simulação e estimativas de herdabilidades de menor magnitude. As variâncias genéticas aditivas foram estimadas corretamente, mas foram observados desvios nas estimativas das correlações genéticas e residuais no primeiro método. Os autores concluíram que o método de estimação conjunta é mais adequado e vantajoso, na obtenção dos



componentes de (co)variância genéticos, já que o procedimento em dois estágios apresenta resultados viesados para os coeficientes de herdabilidade e correlações residuais. Em vasta revisão da literatura não se encontraram estimativas para os parâmetros genéticos utilizando modelos com variáveis resposta dicotômicas como proposto por Varona et al. (1997), com função de ligação *logit*. Entretanto Kachman (2000 e 2001) propõem o uso dos modelos lineares generalizados mistos como possível alternativa.

### 1.5. Estruturas de (co)variância

A estimação correta dos parâmetros genéticos é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, pois permite prever o valor genético dos animais e a identificação de animais geneticamente superiores. Em consequência das diferenças genéticas da população, de ambiente, do tipo de análise e do método de estimação de componentes de (co)variância, entre outros, estas estimativas podem variar consideravelmente.

A implementação de métodos que contemplam a heterogeneidade de variâncias tem se baseado na utilização de modelos multicaracterísticos, em que a característica (variável resposta de interesse) que se pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, que pondera adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade além de considerar a estrutura de (co)variância entre elas (Weigel & Gianola, 1993; Martins, 2002b e Paula, 2006).

Van Der Werf & Shaeffer (1997) complementam que medidas repetidas têm um padrão de covariâncias bem estruturado, e a modelagem desta estrutura possibilita fazer inferências sobre os parâmetros de modo mais coerente.

A importância da estimação de funções que descrevem a evolução dos animais (crescimento e, ou postura) ganhou novo destaque nos últimos anos, dado o crescente interesse pela utilização dos modelos alternativos como o de regressão aleatória e as funções de covariância em avaliações genéticas de características, cujas observações são medidas repetidas ao longo da vida do animal (Schaeffer & Dekkers, 1994; Jamrozik et al., 1997; Meyer, 1999; Resende et al., 2001; Albuquerque, 2004 e Shaeffer, 2004).

Apesar da literatura ser vasta na aplicação de modelos de regressão aleatória, especificamente para a produção de ovos é bastante restrito. Anang et al. (2001 e 2002) aplicaram a metodologia para ajustar a produção mensal de ovos de galinhas, além de comparar com outros modelos longitudinais incluindo o modelo multicaracterístico. Um estudo similar em dados de produção diária acumulada de ovos de galinhas *Broiler Dam Line*, foi realizado por Luo et al. (2007).

Kranis et al. (2007) compararam os modelos de repetibilidade e multicaracterísticos com o modelo de regressão aleatória, com objetivo de entender melhor a dinâmica de discrepância dos parâmetros genéticos ao longo do tempo considerando produção mensal de ovos de perus. Para representar a trajetória da produção média acumulada nos diferentes períodos, utilizaram uma curva não-linear descrita por Ali & Schaeffer (1987) e também utilizada por Anang et al. (2001), mas relataram as dificuldades na convergência dos parâmetros. Tal problema foi resolvido utilizando polinômios ortogonais de Legendre de segunda e terceira ordem, sendo que o primeiro apresentou melhor ajuste para os dados trabalhados. Ainda nesta direção a

metodologia Bayesiana tem sido indicada como ferramenta útil na obtenção das estimativas dos parâmetros do modelo de modo mais preciso e acurado.

### 1.6. Interação genótipo x ambiente

Existe uma interação genótipo x ambiente quando as diferenças entre genótipos dependem do ambiente em que estes estão sendo expressos, desta forma, pode haver alteração do valor dos genótipos em diferentes ambientes.

Paula (2006) cita que a maioria dos programas de avaliação genética utiliza modelos mistos, que admitem variâncias genéticas aditivas e residuais constantes para todos os grupos genéticos. Contudo, evidências têm sido encontradas de que a heterogeneidade de variâncias e a interação genótipo x ambiente estão presentes quando os dados originam-se de diferentes ambientes.

As diferenças de variâncias dentro de subclasses podem causar diminuição na acurácia da predição de valores de reprodutores, o que pode resultar na seleção incorreta de indivíduos em diferentes ambientes. Portanto, se a heterogeneidade de variâncias for desconsiderada, animais criados em ambientes com maior variância residual terão seus dados supervalorizados no processo de avaliação genética e animais criados em ambientes com maior variância genética terão seus dados subvalorizados (Paula, 2006).

Tendo em vista que muitos genótipos considerados superiores em um ambiente podem não ser o mesmo em outro, visto que o genótipo e o ambiente podem interagir, influenciando o fenótipo do animal, a existência de interação genótipo x ambiente deve ser considerada na avaliação genética dos animais (Paula, 2006).

A não consideração da interação genótipo x ambiente pode implicar na alteração da classificação dos animais e na escolha de animais inadequados em determinados ambientes, reduzindo o progresso genético (Ton et al., 2004).

Conti (2007) utilizando o procedimento freqüentista por meio de Modelos Lineares Generalizados observou a relação genótipo x ambiente em três linhagens de codornas de postura submetidas a dois tipos de ração. Conclui pela existência de diferenças entre linhagens e que a seleção seria mais eficiente se praticada na direção da característica velocidade de alcance ao pico de postura, considerando uma ração de baixa energia.

### 1.7. Predição de valores genéticos e uso de índice de seleção

A correta definição do objetivo da seleção e, conseqüentemente, da direção do melhoramento é um requisito essencial aos programas de melhoramento genético. Uma estratégia de melhoramento sofisticada e bem planejada é irrelevante se for embasada em um objetivo inadequado. O objetivo da seleção ou do melhoramento pode ser definido como o caráter econômico final, sobre o qual se deseja o ganho genético, podendo, então, ser um caráter único ou uma combinação de caracteres em um agregado. O critério de seleção representa o caráter ou conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para o caráter objetivo do melhoramento (Resende, 2002).

O critério de seleção representa o conjunto de informações a respeito de uma característica ou conjunto de características em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção.

Entre as mais importantes características de produção em aves está o número de

ovos postos, afetando diretamente no lucro. A produção de ovos depende de três fatores principais, sendo eles a idade ao primeiro ovo (maturidade sexual), a taxa de postura e a persistência de postura. A escolha do melhor critério de seleção para a produção de ovos deve levar em consideração estes três fatores em conjunto (Boukila et al., 1987).

Segundo Martins (1982 e 2002a), a seleção baseada na produção total de ovos é capaz de gerar maior ganho genético para esta característica, entretanto dois problemas ocorrem: o aumento do intervalo de geração já que informação que orienta a seleção somente é obtida ao final do ciclo de postura, além disto, animais selecionados a esta idade apresentam menores taxas de postura e fertilidade, implicando na necessidade de maior esforço para multiplicação do material selecionado. Conclui que tais problemas podem ser contornados por meio da seleção indireta, tomando-se como critério de seleção a produção acumulada durante a fase inicial da postura.

Dentre as metodologias utilizadas para a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, destacam-se: o procedimento padrão de estimação pela máxima verossimilhança restrita (Patterson & Thompson, 1971), que segundo Wang et al. (1994a) e Resende (2002), apresenta uma deficiência no procedimento por meio da teoria de modelos mistos para obtenção do melhor preditor linear não viesado empregando o procedimento da máxima verossimilhança restrita (BLUP/REML) que é não considerar os erros de estimação dos componentes de variância por ocasião da predição de valores genéticos. Resende (2002) ressalta que para assegurar as propriedades desejáveis do BLUP, é necessário o conhecimento exato dos componentes de variância. Dessa forma, a análise Bayesiana, é uma alternativa bastante consistente já que na metodologia Bayesiana essas quantidades (parâmetros, erros, valores de predição e valores genéticos) são atualizados a cada iteração em um processo de estocástico MCMC (*Monte Carlo em Cadeias de Markov*), de forma aleatória.

## 1.8. Amostragem na produção de ovos

A otimização de trabalho despendido e investimento financeiro, é de crucial importância na criação de animais, e principalmente em programas de melhoramento genético. Logo, verificar se a seleção animal é influenciada pela observação da postura parcial de ovos em vez da diária (total) em codornas é de grande interesse na pesquisa científica.

Bohren (1970) observou em galinhas que a seleção parcial pode ser utilizada para aumentar a produção total de ovos com maior eficiência, por unidade de tempo, mas esses resultados não corroboram os de Nordskog et al. (1967).

Boukila et al. (1987) citam que observações parciais da produção são vantajosas nestes casos, já que são menos afetadas pelas variações ambientais. Todavia, é necessário verificar qual segmento do período parcial de postura, pode ser tomado como melhor critério de seleção para aumentar a produção total de ovos.

Fialho et al. (2001), em pesquisas com aves de postura, afirmaram ser comum a necessidade de testar o efeito de diferentes tratamentos (dietas, manejo, genótipos, etc) na produção de ovos e que o total de ovos produzidos fornece pouca informação a respeito da curva de produção. Para aumentar a qualidade dessa informação, às vezes é necessário decompor a produção total na produção em vários períodos (por exemplo, a produção a cada quatro semanas). Entretanto, isso apresenta alguns inconvenientes, como por exemplo, falta de informação, variabilidade genética já que os genes podem ser expressos em diferentes idades no animal além de serem ativados por fatores ambientais tais como ração, manejo, sistema de criação, etc. podem interferir especificamente na maturidade sexual e na persistência de postura.

Apesar de se ter mais informação, a interpretação das produções parciais nem

sempre é clara.

Santos et al. (2003) trabalhando com codornas de postura, analisou produções parciais acumuladas e totais, e observou um aumento no ganho genético indireto por meio da seleção parcial (até 164 dias), todavia, o período que apresentou maior eficiência no controle de produção de ovos para a obtenção de maior progresso genético por unidade de tempo foi o período na fase inicial de postura, em que a produção parcial foi até aos 56 dias.

## 1.9. Motivações para pesquisa

Dentre as motivações para a realização do presente trabalho, destacam-se:

- A literatura é escassa em trabalhos relacionados às curvas de postura não-lineares em codornas;
- Apenas metodologias freqüentistas foram utilizadas no ajuste da curva de postura;
- Não há histórico de comparação de curvas de posturas entre linhagens distintas;
- A metodologia freqüentista apresenta falhas nas comparações de curvas não-lineares;
- A metodologia Bayesiana pode fornecer respostas mais condizentes com a realidade, por permitir a adição de informação além dos dados;
- Busca de respostas as questões:
  1. Diferentes dietas ou grupos de eclosão influenciam na postura de codornas?
  2. Existem diferenças entre linhagens?
  3. Existem diferenças entre linhagens considerando informações genéticas?
  4. Amostragem de forma sistemática ou em períodos parciais altera as classificações dos animais?

## LITERATURA CITADA

- ACHCAR, J.A.; JANEIRO, V.A Bayesian Analysis for Correlated Binary Data in the Presence of Covariates. **Journal of Applied Statistics Science**, v.11, n.3, p.195-211, 2002.
- ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: Nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Proceeding...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004.
- ALI, T.E.; SCHAEFFER, L.R. Accounting for covariances among test day milk yield in dairy cows. **Canadian Journal Animal Science**, v.67, p.637-644, 1987.
- ANANG, A.; MIELENS, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens I. Fixed regression. **British Poultry Science**, v.42, p.191-196, 2001.
- ANANG, A.; MIELENS, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. **British Poultry Science**, v.43, p.384-390, 2002.
- ASHFORD, J.R.; SOWDEN, R.R. Multivariate Probit Analysis. **Biometrics**, v.26, p.535-546, 1970.
- BOHREN, B.B. Genetic gains in annual egg production from selection on early part – records. **World's poultry science journal**, v.6, n.3, p.647-657, 1970.
- BOUKILA, B. et al. Selection for increased egg production based on annual record in three strains of white leghorns. Comparison of different partial records to improve annual egg production. **Poultry science**, v.66, p.1077-1084, 1987.
- CASON, J.A.; WARE, G.O. Analysis of flock egg production curves using generalized growth functions. **Poultry Science**, v.69, p.1064-1069, 1990.
- CHIB, S.; GREENBERG, E. Analysis of multivariate probit models. **Biometrika**, v.85, n.2, p.347-361, 1998.



- CONTI, A.C.M. **Análise genética da probabilidade diária de postura em três linhagens de codornas**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2007. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, 2007.
- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- FIALHO, F.B.; LEDUR, M.C.; AVILA, V.S. **Método Para Comparar Curva De Produção De Ovos Usando um Modelo Matemático**. Embrapa Suínos e Aves, 2001, p. 1-4 (Relatório Técnico, 293).
- FITZBURGH, H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. **Journal Animal Science**, v.42, p.1036-1051, 1976.
- FITZMAURICE M.N., LAIRD, N.M., ZAHNER, G.E.P. Multivariate Logistic Models for Incomplete Binary Responses. **Journal of the American Statistical Association**, v.91, n.433, p.99-108, 1996.
- GAVORA, J.S.; LILJEDAHN, L.E.; McMILLAN, L. et al. Comparison of three mathematical models of egg production. **British Poultry Science**, v.23, p.339-348, 1982.
- GIANOLA, D. Bayesian analyses of Longitudinal Data with Quantitative Genetic Applications. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46., E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9., ESALQ/USP, 2001, Piracicaba, **Proceeding...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Estatística, 2001.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-277, 1986.
- HASEMAN, J.K., KUPPER, L.J. Analysis of Dichotomus Response Data from Certain Toxicological Experiments. **Biometrics**, n.35, p.281-293, 1979.

- JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J.; DEKKERS, J.C.M. et al. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal Dairy Science**, n.80, p.2550-2556, 1997.
- JANEIRO, V. **Análise Bayesiana de Modelos para Dados Binários Correlacionados**. São Carlos: Universidade de São Paulo-USP/SCar, 2000. Dissertação (Mestrado em ciência da computação e matemática computacional) - Universidade de São Paulo-USP/SCar, 2000.
- KACHMAN, S.D. An Introduction to Generalized Linear Mixed Models, In: PROC. OF A SYMPOSIUM AT THE ORGANIZATIONAL MEETING FOR A NCR COORDINATING COMMITTEE ON "IMPLEMENTATION STRATEGIES FOR NATIONAL BEEF CATTLE EVALUATION", Athens. 2000. p.59-73.
- KACHMAN, S.D. Genetic Evaluation of Livestock with Generalized Linear Mixed Models, In: GRAYBILL CONFERENCE ON LINEAR MODELS, 2001. 18p.
- KRANIS, A.; SU, G.; SORENSEN, D. A. et al. The Application of Random Regression Models in the Genetic Analysis of Monthly Egg Production in Turkeys and a Comparison with Alternative Longitudinal Models. **Poultry Science**, v.86, p.470-475, 2007.
- LEANDRO, R.A. Introdução à estatística Bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46, E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9., ESALQ/USP. **Anais...** Piracicaba, 2001, 51p.
- LIANG, K.Y.; ZEGER, S.L. Longitudinal Data Analysis Using Generalized Linear Models. **Biometrika**, v.73, p.13-22, 1986.
- LINDSTROM, M.J.; BATES, D.M. Nonlinear Mixed Effects Models for Repeated Measures Data. **Biometrics**, v.46, n.3, p.673-687, 1990.

- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. et al. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.84, n.3, p.694-704, 2001.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. et al. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using bayesian methods. **Livestock Production Science**, v.74, p.175-184, 2002.
- LUO, P.T.; YANG, R.Q.; YANG, N. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a Broiler Dam Line by using a random regression model. **Poultry Science**, v.86, p.30-36, 2007.
- MARTINS, E. N. **Comportamento de três linhagens de poedeiras legorne em cruzamentos dialélicos**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1982. 120p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1982.
- MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, I., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: NECTA-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002a. p.205-208.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variâncias. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002b, p.205-214.
- MARTINS, E.N., LOPES, P.S., SILVA, M.A., et al. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 1997, 121p.
- MATOS, E.H. da S. [2007] **Criação de codornas**. Dossiê técnico. Centro de Apoio ao Desenvolvimento Tecnológico da Universidade de Brasília – CDT/UnB. Serviço Brasileiro de Respostas Técnicas – SBRT, 2007. Disponível em: <<http://www.sbrt.ibict.br>> Acesso em: 1/mai/2008.
- McMILLAN, I.; FITZ-EARLE, M.; BUTLER, L. et al. Quantitative genetics of fertility II. Lifetime egg production of *Drosophila melanogaster* – Experimental. **Genetics**, v.65, p.355-369, 1970.

- McNALLY, D.H. Mathematical model for poultry egg production. **Biometrics**, v.27, p.735-738, 1971.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.116, n.3, p.181-203, 1999.
- NORDSKOG, A.W, FESTING, M., VERGHESE, M.W. Selection for egg production and correlates responses in the fowl. *Genetics*, v.55, n.2, p.179-91, 1967.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PAULA, M.C. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente para produção de leite em bovinos da raça holandesa no estado do Paraná**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006, 84p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, 2006.
- PICCININ, A.; GOLÇALVEZ, H.C.; RAMOS, A.A. Descrição da curva de postura de codornas durante o ciclo produtivo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.
- PICCININ, A.; MALHADO, C.H. M.; MORI, C. et al. Análise da curva de postura de três linhagens de codorna utilizando a técnica não paramétrica Kernel. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., **Proceeding...**, Pirassununga: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004.
- PRENTICE, R.L. Correlated Binary Regression with Covariate Specific to Each Binary Observation. **Biometrics**, v.44, n.4, p.1033-1048, 1988.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.1837-1844, 2003.

- RESENDE, M.D.V.; REZENDE, G.D.S.P; FENANDES, J.S.C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Revista de Matemática e Estatística**, v.19, p.21-40, 2001.
- RESENDE, M.D.V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- SANTOS, A.I.; MARTINS, E.N.; RESENDE, R.O. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de ovos em codornas japonesas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.
- SAPP, R.L.; REKAYA, R.; MISZTAL, I. et al. Longitudinal Multiple-Trait Versus Cumulative Single-Trait Analysis of Male and Female Fertility and Hatchability in Chickens. Research Note, **Poultry Science**, v.84, p.1010-1014, 2005.
- SCHAEFFER, L.R., DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGR. GENET. APPL. LIVEST. PROD., V., 1994. **Proceedings...** Guelph, v.18, 1994. p.443-446.
- SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45, 2004.
- SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996 (Intern report, 82).
- TON, A.P.S., MARTINS, E.N., SAKAGUTI, E.S. et al. Estimativa da Interação Genotipo x Ambiente Na Produção de Ovos de Codornas De Postura. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL, II., E CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA, I., Lavras. **Anais...** Lavras: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. p.235.
- VAN DER WERF, J.H.J., SCHAEFFER, L. **Random regression in animal breeding** (Course Notes), CGIL Guelph, Canada, 1997, 50p.

- VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- VARONA, L.; MORENO, C.; GARCIA CORTES, L.A. et al. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, v.47, n.3, p.201-209, 1997.
- VARONA, L.; MORENO, C.; GARCIA CORTES, L.A. et al. Two-step versus joint analysis of Von Bertalanffy function. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, n.5, p.331-338, 1999.
- WAKEFIELD, J.C. ; SMITH, A.F.M.; RACINE-POON, A. et al. Bayesian analysis of linear and non-linear population models by using the Gibbs sampler. **Applied Statistic**, v.43, p.201-221, 1994.
- WANG, C.S.; GIANOLA, D.; SORENSEN, D.A. et al. Response to selection for litter size in Danish Landrace pigs: a Bayesian analysis. **Theory Applied Genetics**, v.88, n.2, p.220-230, 1994a.
- WEIGEL, K. A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.
- WEIGEL, K.A.; REKAYA, R.A multiple-trait herd cluster model for international dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.815-821, 2000.
- YANG, N.; WU, C.; McMILLAN, I. New mathematical model of poultry egg production. **Poultry Science**, v.68, p.476-481, 1989.
- ZUCKER, D.M.; ZERBE, G.O.; WU, M.C. Inference or the association between coefficient in a multivariate growth curve model. **Biometrics**, v.51, p.413-424, 1995.

## II. OBJETIVOS GERAIS

No presente trabalho os objetivos foram: escolher uma curva entre três pré-definidas, que melhor representa a postura diária de ovos em codornas; comparar linhagens por meio dos parâmetros das curvas médias de produção utilizando procedimentos Bayesianos; avaliar, dentro e entre linhagens, os aspectos genéticos dos parâmetros das curvas de produção de ovos utilizando uma estrutura de parentesco em um modelo animal; e, verificar se a seleção animal é influenciada pela observação da postura sistemática ou parcial de ovos em vez da postura diária total, em análises multicaracterísticas.

### III. Curvas de probabilidade de postura em codornas

RESUMO - Para estabelecer um modelo para a produção de ovos de três linhagens de codornas, avaliou-se a utilização de três modelos distintos, em uma abordagem Bayesiana. Observou-se que um modelo do tipo log-linear condicional não é adequado para ajustar os dados para nenhuma das três linhagens analisadas. Alternativamente, verificou-se por meio do critério de informação da deviance, que os dados podem ser ajustados de forma mais adequada quando se utiliza um modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística, considerando que  $\theta_{ij}$  é a probabilidade de postura da ave  $i$  no dia  $t_j$ , na forma  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ . Considerando os efeitos de eclosão e dieta, observou-se que as mesmas não apresentaram ser significantes na composição do modelo. Por meio de contrastes Bayesianos, verificou-se diferenças significativas entre linhagens em favor da amarela, seguida da azul e vermelha considerando os parâmetros das curvas de probabilidade de postura média ( $\bar{\alpha} = -0,452$  e  $\bar{\beta} = 0,083$ , para a linhagem amarela,  $\bar{\alpha} = -1,170$  e  $\bar{\beta} = 0,085$  para a linhagem azul e  $\bar{\alpha} = -0,818$  e  $\bar{\beta} = 0,089$  para a linhagem vermelha). A linhagem amarela apresentou superioridade em relação a probabilidade de postura média *a posteriori*, por iniciar mais cedo a postura e ter maior persistência média na produção. Entretanto, considerando a produção acumulada total, observou-se diferenças entre linhagens em favor da amarela, seguida da vermelha e azul. Foram encontradas evidências em favor dos grupos de animais submetidos a dieta de energia preconizada nas linhagens vermelha e azul. Somente na linhagem azul foram encontradas evidências de diferenças entre grupos de eclosão.

Palavras-chave: análise bayesiana, critério de informação da deviance, dados binários correlacionados, efeito aleatório, equações não-lineares



### III. Laying probability curves in quails

ABSTRACT - To establish a model for the laying production from three quails strains it was evaluated the use of three distinct models in a Bayesian approach. It was observed that a model of the type log-linear conditional is not appropriate to adjust the data for any of the three strains analyzed. Alternatively, it was found through the information criteria of deviance, that data can be adjusted more adequately when using a random effects model with logistic function, considering that  $\theta_{ij}$  is the laying probability of the bird  $i$  in  $t_j$  days, as  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ . Considering the effects of diet and hatching, it was observed that they were not significant in the model composition. Through Bayesian contrast, there was significant differences between strains in favor of yellow followed by blue and red strains considering the parameters of laying average probability curves ( $\bar{\alpha} = -0.452$  and  $0.083$ , to the yellow line, and  $\bar{\beta} = -1.170$  and  $0.085$  for the blue line and  $\bar{\alpha} = -0.818$  and  $\bar{\beta} = 0.089$  for the red line). The yellow line showed superiority on the probability of average laying a posteriori, by starting early the laying and being more persistent in the average production. However, considering the accumulated total production, there are differences between strains in favor of yellow, followed by red and blue. It was found evidence in favor of groups of animals submitted to energy diet for red and blue strains. Only in the blue strain was found evidence of differences between hatching groups.

Key Words: bayesian analysis, binary data correlated, deviance information criterion, non-linear equations, random effect

## Introdução

Em estudos de melhoramento genético, é comum o tipo de estrutura de dados longitudinais, além da estrutura de parentesco entre indivíduos. Gianola (2001) relata que modelos hierárquicos ou em múltiplos estágios, podem ser assumidos para estas situações. Para o primeiro estágio de análise, uma função matemática geralmente é usada para descrever a trajetória esperada dos indivíduos. Para o segundo estágio a variação entre indivíduos é incorporada a um modelo animal, considerando os parâmetros especificados no primeiro estágio.

Os métodos padrões de regressão são inadequados pois as observações repetidas para a mesma unidade experimental tendem a ser correlacionadas (Janeiro, 2000). Modelos propostos para ajustar a regressão com variáveis binárias correlacionadas, podem ser vistas em Haseman & Kupper (1979). Prentice (1988) apresenta uma ampla revisão de várias estratégias para este tipo de modelagem.

Achcar & Janeiro (2002) estudaram, sob o enfoque bayesiano, estruturas de dados binários correlacionados considerando os modelos de regressão não-lineares e, seus estudos mostraram que tal metodologia, além de flexível, é apropriada e vantajosa.

A utilização de modelos parcimoniosos que explicam grande parte dos efeitos naturais é de grande importância na produção de ovos. Na Coturnicultura, por exemplo, tem despertado interesses. No entanto, para que haja sucesso na criação dessas aves, é necessária a escolha do material genético adequado as condições de criação, permitindo que o animal expresse toda a sua capacidade de produção.

O desenvolvimento de material genético superior se dá por meio seleção animal praticada nos de programas de melhoramento genético, e o padrão da produção de ovos é recente em tais programas nos quais, plantéis de reprodução formados a cada geração

a partir da seleção dos animais geneticamente superiores, são multiplicados para formar a próxima geração. Segundo Martins (2002), os programas de melhoramento genético devem ser realizados de forma mais eficiente utilizando metodologias modernas e adequadas, para que a seleção resulte em vantagens além de contribuir para um maior incremento na produção. A colaboração dessa eficiência é em parte devida a escolha adequada da curva de postura, que representa a trajetória de produção da ave.

Neste trabalho o objetivo foi avaliar, em três linhagens de codornas distintas, a utilização de modelos probabilísticos para descrição das curvas de produção de ovos, usando métodos Bayesianos.

### **Material e Métodos**

O experimento foi realizado no setor de Coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, pertencente à Universidade Estadual de Maringá - PR - Brasil, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007, com a utilização de 308, 374 e 378 codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*) das linhagens amarela, azul e vermelha (cor das anilhas), respectivamente, em desenvolvimento no local desde 2002.

Foram efetuadas incubações com ovos coletados em dois períodos de oito dias, gerando dois grupos de eclosão distintos. Os ovos foram identificados por pai e mãe de tal forma que foi possível a identificação da genealogia do pintainho ao nascimento. As aves foram anilhadas e criadas em piso com cama, recebendo ração para crescimento conforme recomendação do NRC (1994).

Aos 28 dias de idade foi realizada a sexagem e as fêmeas foram divididas em dois grupos, de tal forma que cada matriz teve filhas nos dois grupos. Nessa idade as aves foram alojadas em gaiolas individuais e cada grupo passou a ser alimentado com um

dos tipos de ração: com nível preconizado de energia (Dieta 1: 2.900 Kcal/kg de energia metabolizável) e de baixa energia (Dieta 2: 2.500 Kcal/kg de energia metabolizável).

Os dados foram coletados a partir da primeira postura observada no lote e seguiu-se até o 90º dia de observação. Na Tabela 1, é apresentada parte da estrutura de dados de codornas de postura da linhagem amarela.

Tabela 1 - Estrutura dos dados

Anima	Anilha			Grupo de Eclosão	Dieta	Dia				
	Ave	Pai	Mãe			1	2	3	...	J
1	31646	6816	6445	1	1	0	0	1	...	1
2	30806	27034	6000	1	2	1	1	1	...	0
3	32883	6858	6914	2	1	1	0	0	...	1
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
n	34543	6105	5735	2	2	0	0	1	...	1

Foi definido que  $Y_{ij}$ , o valor observado da postura no dia  $j$ , do animal  $i$ , onde  $j = 1, 2, \dots, J (=90)$  e  $i = 1, 2, \dots, n (= 308, 374 \text{ e } 378, \text{ respectivamente, para as linhagens amarela, azul e vermelha})$ .

Considerando a produção diária de ovos, três modelos foram analisados: nos dois primeiros ( $M_1$  e  $M_2$ ), respectivamente, um modelo condicional log-linear e um modelo de efeitos aleatórios normalmente distribuídos com função de ligação logística, considerando que não há presença de outras covariáveis independentes além do tempo; o terceiro ( $M_3$ ) com a mesma estrutura de  $M_2$  mas assumindo a presença das covariáveis independentes: grupo de eclosão e dieta.

**Modelo  $M_1$**  (sem covariáveis): modelo condicional log-linear sugerido por Bush & Mosteller (1955).

Considerando a trajetória de um animal  $i$  e  $\theta_j$  a probabilidade de “não postura” ( $y = 0$ ) no dia  $j$ , dado a história de posturas anteriores, isto é, até o dia  $j-1$ . Seja

$$w_j = \sum_{j=1}^{j-1} y_j \text{ o total de “uns” (1's) anteriores a posição } j, \text{ assim o número de “zeros”}$$

(0's) será dado por  $j - w_j$ . Para  $j = 1$ , assume-se que  $\theta_1 = 1$  e para  $j > 1$ :

$$\theta_j = A^{w_j} B^{j-w_j} \quad [1]$$

onde  $0 \leq A \leq 1$  é o parâmetro associado ao total de posturas, e  $0 \leq B \leq 1$  as “não posturas”.

Tomando o logaritmo em (1), tem-se um modelo log-linear:

$$\log \theta_j = \alpha w_j + \beta(j - w_j) \quad [2]$$

em que  $\alpha = \log A$  e  $\beta = \log B$ .

Como a probabilidade  $\theta_j$ , pode se alterar com o tempo, é plausível assumir que em um determinado dia  $j$ ,  $\theta_j$  dependa das posturas anteriores,  $y_{j-1}$ , assim a distribuição conjunta de  $Y_1, Y_2, \dots, Y_n$  pode ser escrita na forma condicional:

$$f(y_1, y_2, \dots, y_n) = f(y_1) f(y_2 | y_1) f(y_3 | y_1, y_2) \dots f(y_n | y_1, \dots, y_{n-1}),$$

onde, a função de probabilidade de  $y_{ij}$  condicionado aos resultados dos dias 1 a  $j-1$  será:

$$f(y_{ij} | y_{i1}, \dots, y_{ij-1}) = \theta_{ij}^{1-y_{ij}} (1 - \theta_{ij})^{y_{ij}} = \begin{cases} \theta_{ij} & \text{para } y_{ij} = 0 \\ 1 - \theta_{ij} & \text{para } y_{ij} = 1 \end{cases}$$

Assumindo independência entre os indivíduos, a função de verossimilhança será dada por:

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^J \theta_{ij}^{1-y_{ij}} (1 - \theta_{ij})^{y_{ij}}, \text{ na qual o seu logaritmo será dado por:}$$

$$l(\theta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J \left[ (1 - y_{ij}) \log \theta_{ij} + y_{ij} \log(1 - \theta_{ij}) \right]$$

ou substituindo (2), tem-se:

$$l(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J \left[ (1 - y_{ij}) \left[ \alpha w_{ij} + \beta(j - w_{ij}) \right] + y_{ij} \log(1 - \theta_{ij}) \right] \quad [3]$$

$$l(\alpha, \beta) = \alpha \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J (1 - y_{ij}) w_{ij} + \beta \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J (1 - y_{ij}) (j - w_{ij}) + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J y_{ij} \log(1 - \theta_{ij})$$

Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições Normais *a priori* não-informativas para os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , com média zero e variância  $10^{+6}$  (valor alto para caracterizar a não-informação, isto é, distribuição vaga):  $\alpha; \beta \sim N(0, 10^{+6})$ .

**Modelo M<sub>2</sub>** (Modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística - sem covariáveis): Considerando que a probabilidade de postura do animal  $i$  no dia  $j$ , agora representada por  $\theta_{ij}$ , a função de probabilidade de  $Y_{ij}$  será dada por:

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

Assumindo independência entre os indivíduos, a função de verossimilhança será

dada por:  $L(\theta) = \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^J \theta_{ij}^{y_{ij}} (1 - \theta_{ij})^{1 - y_{ij}}$ , na qual o seu logaritmo será dado por:

$$l(\theta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J [y_{ij} \log \theta_{ij} + (1 - y_{ij}) \log(1 - \theta_{ij})] \quad [4]$$

Ao considerar uma função de ligação logística, de modo geral e por simplicidade  $t_j=j$ , a probabilidade de postura, agora  $\theta_{ij}$ , será dada por:

$$\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij} j\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij} j\}} \quad [5]$$

tal que

$$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_{ij} + \beta_{ij} j \quad [6]$$

onde  $\alpha_{ij} = \alpha_i$  efeito aleatório do indivíduo  $i$  para qualquer dia;  $\beta_{ij} = \beta_i$ ; coeficientes de regressão do indivíduo  $i$  para qualquer dia.

Biologicamente os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  representam, respectivamente, o início da postura e a evolução da postura (ou velocidade de alcance ao pico de postura) da ave.

O logaritmo da função de verossimilhança, agora em função dos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , será dada por:

$$l(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J y_{ij} (\alpha_i + \beta_i j) + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J (1 - y_{ij}) \log(1 - \theta_{ij}) \quad [7]$$

Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições Normais *a priori* para  $\alpha$  e  $\beta$ , tal que:  $\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$  e  $\beta_i \sim N(0, \sigma_\beta^2)$  assumindo uma estrutura hierárquica, em que os hiperparâmetros  $\sigma_\alpha^2$  e  $\sigma_\beta^2$  são obtidos por meio da precisão  $\tau$  ( $\sigma = 1/\sqrt{\tau}$ ), obtida por uma distribuição de probabilidade Gama *a priori* não-informativa:  $\tau \sim Gama(10^{-3}, 10^{-3})$  (valores que caracterizam uma distribuição vaga, segundo a parametrização do *software* utilizado).

**Modelo M<sub>3</sub>** (Modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística - com covariáveis): Generalizando o modelo M<sub>2</sub>, ao considerar uma função de ligação logística com  $p$  covariáveis, a probabilidade de postura dada em (5), agora será dada por:

$$\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + \beta_{kij}' x_{kij}\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + \beta_{kij}' x_{kij}\}}; k = 1, 2, \dots, p \quad [8]$$

tal que

$$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_{ij} + \beta_{kij}' x_{kij}, \quad [9]$$

onde, com as mesmas características do modelo anterior, M<sub>2</sub>,  $a_{ij} = a_i$ : efeito aleatório do indivíduo  $i$ ;  $\beta_{kij} = \beta_{ki}$ : vetor de coeficientes de regressão do indivíduo  $i$  de dimensão  $p$ , onde  $k = 1, 2, 3$  e portanto,  $\beta_1, \beta_2$  e  $\beta_3$  estarão associados, respectivamente, as covariáveis:  $x_{1ij} = x_{1i} = 1$  (Primeiro grupo de eclosão) e  $x_{1ij} = x_{1i} = 2$  (Segundo grupo de eclosão);

$x_{2ij} = x_{2i} = 1$  (Dieta 1: ração com nível energético preconizado - 2.900 Kcal/kg de EM);

$x_{2ij} = x_{2i} = 2$  (Dieta 2: ração com baixo nível energético - 2.500 Kcal/kg de EM) e

$x_{3ij} = t_j = j$ : dia da postura (em dias).

O logaritmo da função de verossimilhança, em função dos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , será dado por:

$$l(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J y_{ij} (\alpha_i + \beta_{1i} x_1 + \beta_{2i} x_2 + \beta_{3i} j) + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J (1 - y_{ij}) \log(1 - \theta_{ij}) \quad [10]$$

Distribuições *a priori* não-informativas foram assumidas para todos os parâmetros como descritas no modelo  $M_2$ .

Os cálculos estatísticos foram realizados com o auxílio do pacote BRugs do programa R (R Development Core Team, 2007).

Um procedimento por meio de comparações múltiplas bayesiano foi realizado inicialmente para analisar a produção acumulada total dentro e entre linhagens do estudo. Foram assumidos para a produção total ( $pt$ ) de ovos em 90 dias, em cada grupo ( $g$ ), que:  $pt_g \sim N(\mu_g, \sigma_g^2)$ ,  $\mu$  = produção média e  $\sigma^2$  = variância. Foram consideradas distribuições Normais *a priori* para cada  $\mu_g$ , tal que:  $\mu_g \sim N(0, 10^{-6})$ , as variâncias  $\sigma_g^2$  foram obtidos por meio da precisão  $\tau$ , ( $\sigma = 1/\sqrt{\tau}$ ), obtida por uma distribuição de probabilidade Gama *a priori* não-informativa:  $\tau \sim Gama(10^{-3}, 10^{-3})$ .

Diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) entre grupos (contrastes Bayesianos das amostras *a posteriori* ordenadas) puderam ser detectadas observando os intervalos de credibilidade dos contrastes (valor “zero” não incluso) após ter sido geradas 60.000 amostras, descartadas as 10% primeiras e tomadas em intervalos de tamanho igual a 5.

Com o interesse em verificar se as covariáveis ( $x_1$ : grupo de eclosão e  $x_2$ : dieta) são significativas para o modelo, procedeu-se ao ajuste dos modelos  $M_{3x_1}$  (sem a covariável  $x_2$ ) e  $M_{3x_2}$  (sem a covariável  $x_1$ ) que incluem individualmente cada covariável e na seqüência observou-se o seu respectivo critério de informação da “deviance” (DIC). Tal critério, proposto por Spiegelhalter et al. (2002), utiliza como



medida de qualidade de ajuste a esperança *a posteriori* do logaritmo da distribuição condicional dos dados: A deviance obtida usando métodos de Monte Carlo em Cadeia de Markov é definida por:  $D(\theta) = -2n \log L(\theta) + C$ , em que  $\theta$  é o vetor de parâmetros desconhecidos do modelo,  $L(\theta)$  é a verossimilhança e  $C$  uma constante não necessariamente conhecida na comparação de dois modelos. Spiegelhalter et al. (2002) propuseram o  $DIC = D(\hat{\theta}) + 2p_D$ , em que  $D(\hat{\theta})$  é o desvio calculado na média *a posteriori*  $\hat{\theta} = E(\theta | y)$  e  $p_D$  é o número efetivo de parâmetros no modelo, dado por  $p_D = \bar{D} - D(\hat{\theta})$  em que  $\bar{D} = E[D(\theta) | y]$  é a média *a posteriori* do desvio que mede a qualidade do ajuste dos dados para cada modelo. Segundo os autores é uma medida de complexidade do modelo. Modelos com menores valores de DIC podem ser considerados mais adequados, pois apresentam ajuste ponderado pelo grau de complexidade. O DIC pode ser utilizado tanto para a comparação, quanto para seleção de (co)variáveis em modelos. Os autores sugerem utilizar o seguinte critério para o módulo da diferença entre os valores de DIC de dois modelos, A e B analisados:  $D = |DIC_A - DIC_B|$ , se  $D < 5$ : não-significativo; se  $5 \leq D \leq 10$ : significativo e se  $D > 10$ : altamente significativo.

Por meio do método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) foram geradas, respectivamente, para os modelos  $M_1$  e  $M_{2/3}$  ( $M_2$  e  $M_3$ ), 10 mil e 100 mil amostras para os parâmetros e 10% de descartes iniciais. Para eliminar a autocorrelação entre os valores gerados, quando necessário, os valores foram tomados em intervalos de 10 e 20, respectivamente para  $M_1$  e  $M_{2/3}$ . Tais cuidados foram importantes para garantir a convergência das cadeias dos parâmetros analisados, segundo os critérios de Geweke (1992) e Heidelberger & Welch (1983), por meio do pacote CODA (Spiegelhalter et al., 1994), implementado do programa R (R Development Core Team, 2007).

A simetria das distribuições marginais condicionais dos parâmetros de interesse de cada animal foi observada, para optar pela média ou mediana *a posteriori*, então calculada a média geral da estatística, com o objetivo de apresentar uma única curva para cada linhagem estudada:  $\bar{\alpha} = \text{me'dia}(\alpha_i)$ ,  $\bar{\beta} = \text{me'dia}(\beta_i)$  e  $\bar{\beta}_k = \text{me'dia}(\beta_{ki})$ , desta forma a curva média é dada por:

$$\text{logit}(\bar{\theta}_j) = \bar{\alpha} + \bar{\beta}_k' x_k \quad [11]$$

Por meio de contrastes entre as distribuições *a posteriori* (ordenadas) dos parâmetros das curvas médias nas linhagens analisadas, foi verificado ao nível  $\alpha = 5\%$  se ocorreram diferenças significativas. Caso o valor zero “0” não estiver contido no Intervalo de Credibilidade (percentis de 2,5% e 97,5%) do contraste  $\Delta$ ,  $\text{ICr}[\Delta, (1-\alpha)\%]$ , conclui-se pela diferença entre os parâmetros analisados.

### Resultados e Discussão

Na Tabela 2, encontram-se os dados de produção média *a posteriori* de ovos nas três linhagens, referentes aos 90 dias de postura. Pode-se observar que as médias nas produções não diferiram ( $p \geq 0,05$ ) entre os grupos de eclosão de modo geral e nas linhagens amarela e vermelha, no entanto na linhagem azul, apresentou-se superior para o grupo de aves nascidas da primeira eclosão.

Nas linhagens azul e vermelha, os grupos de animais submetidos à dieta com energia preconizada apresentaram desempenho superior. Entretanto isto não foi evidenciado na linhagem amarela.

Observa-se nas comparações entre linhagens, que as produções diferiram em favor da média *a posteriori* da produção de ovos na linhagem amarela, seguida pela vermelha. Todavia, considerando cada nível de grupo de eclosão e de dieta, verificou-se

diferenças significativas em favor da linhagem amarela com relação as demais. Com exceção do segundo grupo de eclosão e produção total, as linhagens azul e vermelha não apresentaram diferenças significativas em suas produções médias.

Tabela 2 - Produção média *a posteriori* de ovos/ave no período de observação (90 dias)

Linhagem	Covariável				Geral
	Grupo de Eclosão		Dieta		
	Primeiro	Segundo	Energia Preconizada	Baixa Energia	
Amarela	<sup>a</sup> 73,58 <sup>c</sup>	<sup>a</sup> 74,07 <sup>c</sup>	<sup>a</sup> 74,26 <sup>c</sup>	<sup>a</sup> 73,26 <sup>c</sup>	73,80 <sup>c</sup>
Azul	<sup>a</sup> 68,53 <sup>d</sup>	<sup>b</sup> 64,68 <sup>d</sup>	<sup>a</sup> 70,19 <sup>d</sup>	<sup>b</sup> 63,82 <sup>d</sup>	66,98 <sup>d</sup>
Vermelha	<sup>a</sup> 69,75 <sup>d</sup>	<sup>a</sup> 68,50 <sup>e</sup>	<sup>a</sup> 71,18 <sup>d</sup>	<sup>b</sup> 66,93 <sup>d</sup>	69,18 <sup>e</sup>
Geral	<sup>a</sup> 70,42	<sup>a</sup> 68,83	<sup>a</sup> 71,75	<sup>b</sup> 67,59	69,75

Letras distintas à esquerda, na linha (<sup>a,b</sup>) e à direita, na coluna (<sup>c,d,e</sup>), indicam diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) por meio de comparações Bayesianas.

Na Tabela 3, são apresentados os resumos *a posteriori* (médias, desvios-padrão medianas e intervalos de credibilidade em nível de 95%, dados pelos percentis  $p_{2,5\%}$  e  $p_{97,5\%}$ ) das estimativas dos parâmetros dos modelos analisados.

Observa-se que as distribuições *a posteriori* para os parâmetros analisados, mostraram ser simétricas, já que os valores da mediana e média em cada modelo descrito e em cada linhagem analisada, foram próximos. Portanto optou-se pela média *a posteriori* para melhor representar a distribuição assim como a curva de probabilidade de postura de cada ave.

Tabela 3 - Sumário *a posteriori* para os parâmetros dos modelos

Linhagem	Modelo	Parâmetros	Média	Desvio-padrão	Mediana	$p_{2,5\%}$ <sup>1</sup>	$p_{97,5\%}$
Amarela	M <sub>1</sub>	A	0,93867	0,0007409	0,93867	0,93722	0,94004
	M <sub>1</sub>	B	0,99975	0,0002324	0,99983	0,99913	0,99998
	M <sub>2/3</sub>	$\alpha$	-0,4511	0,04038	-0,4504	-0,5303	-0,3727
	M <sub>3</sub>	$\beta_1$	-0,000168	0,002818	-0,000117	-0,00542	0,00488
	M <sub>3</sub>	$\beta_2$	-0,000202	0,002818	-0,000136	-0,00655	0,00540
	M <sub>2/3</sub>	$\beta/\beta_3$	0,0831	0,00223	0,08298	0,00789	0,08759
Azul	M <sub>1</sub>	A	0,9427	0,0006423	0,9427	0,9415	0,9440
	M <sub>1</sub>	B	0,9999	0,0000400	1,0000	0,9998	1,0000
	M <sub>2/3</sub>	$\alpha$	-1,17	0,03981	-1,17	-1,25	-1,10
	M <sub>3</sub>	$\beta_1$	-0,59100	0,117900	-0,59410	-0,81440	-0,35310
	M <sub>3</sub>	$\beta_2$	-0,15900	0,126400	-0,15740	-0,41840	0,09027
	M <sub>2/3</sub>	$\beta/\beta_3$	0,08487	0,001922	0,08480	0,08130	0,08869
Vermelha	M <sub>1</sub>	A	0,9405	0,0006538	0,9405	0,9392	0,9417
	M <sub>1</sub>	B	0,9999	0,0000983	0,9999	0,9996	1,0000
	M <sub>2/3</sub>	$\alpha$	-0,8178	0,04245	-0,8164	-0,9004	-0,7353
	M <sub>3</sub>	$\beta_1$	-0,5467	1,10910	-0,53950	-0,75870	-0,34610
	M <sub>3</sub>	$\beta_2$	-0,2097	0,11020	-0,21260	-0,42650	0,01068
	M <sub>2/3</sub>	$\beta/\beta_3$	0,0894	0,00217	0,0894	0,0852	0,0934

<sup>1</sup> $p_{2,5\%}$  e  $p_{97,5\%}$ : intervalo de 95% de credibilidade.

A Tabela 4 apresenta um resumo do DIC para os diferentes modelos estudados. Analisando os modelos M<sub>1</sub> e M<sub>2</sub>, que não assumem a presença de outras covariáveis independentes, observou-se que M<sub>2</sub> apresenta melhor desempenho, já que possui um valor DIC significativamente menor, segundo o critério de Spiegelhalter et al. (2002).

Entre aqueles modelos que assumem outras covariáveis independentes (M<sub>3c1</sub> e M<sub>3c2</sub>), todos apresentaram valores muito próximos, sendo que o modelo M<sub>3c1</sub> apresentou menor índice DIC mas não significativamente inferior ao do modelo M<sub>2</sub>. Portanto o modelo que melhor se ajustou aos dados, além de mais simples, foi o modelo M<sub>2</sub>.

Tabela 4 - Critério de Informação de deviance (DIC)

Modelos	Descrição	Linhagem		
		Amarela	Azul	Vermelha
M <sub>1</sub>	$\log \theta_{ij} = \alpha_i w_j + \beta_i (j - w_j)$	20.686,2	29.023,6	27.926,5
M <sub>2</sub>	$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_i + \beta_i j$	<b>17.150,0</b>	<b>23.650,0</b>	<b>21.240,0</b>
M <sub>3</sub>	$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_i + \beta_{1i} x_{i1} + \beta_{2i} x_{i2} + \beta_{3i} j$	17.150,0	25.969,5	25.332,7
M <sub>3c1</sub>	$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_i + \beta_{1i} x_{i1} + \beta_{3i} j$	17.148,0	25.969,6	25.332,8
M <sub>3c2</sub>	$\text{logit}(\theta_{ij}) = \alpha_i + \beta_{2i} x_{i2} + \beta_{3i} j$	17.150,0	25.973,3	25.337,5

Na Figura 1, é apresentada a evolução da probabilidade de postura média nas linhagens analisadas, obtida pelo modelo  $M_2$  dado em (11), cujos valores para os parâmetros foram:  $\bar{\alpha} = -0,452$  e  $\bar{\beta} = 0,083$ , para a linhagem amarela,  $\bar{\alpha} = -1,170$  e  $\bar{\beta} = 0,085$  para a linhagem azul e  $\bar{\alpha} = -0,818$  e  $\bar{\beta} = 0,089$  para a linhagem vermelha. A linhagem amarela apresentou superioridade em relação a probabilidade de postura média *a posteriori*, por iniciar mais cedo a postura e ter maior persistência média na produção (menor  $\beta$ ). Isto é confirmado com os resultados dos contrastes *a posteriori* entre os parâmetros das curvas médias de probabilidade de postura de  $M_2$  apresentados na Tabela 5. Observaram-se diferenças significativas a 5%, entre todas as linhagens, considerando o parâmetro que representa o início da postura ( $\alpha$ ) e o parâmetro que representa a evolução da postura ( $\beta$ ), corroborando os resultados dos testes Bayesianos de comparações entre as médias apresentados na Tabela 2.

Tabela 5 - Estimativas *a posteriori* das distribuições dos contrastes entre parâmetros das curvas médias de probabilidade de postura, por meio do modelo  $M_2$

Contrastes	Média	Desvio-padrão	Mediana	$p_{2,5\%}$	$p_{97,5\%}$
$\Delta_{\alpha}^1$	0,71914*	0,00142	0,71910	0,71715	0,72112
$\Delta_{\alpha}^2$	0,83551*	0,00632	0,83533	0,82513	0,84692
$\Delta_{\alpha}^3$	0,11637*	0,00670	0,11583	0,10432	0,12927
$\Delta_{\beta}^1$	-0,00176*	0,00032	-0,00185	-0,00234	-0,00112
$\Delta_{\beta}^2$	-0,01368*	0,00010	-0,01370	-0,01381	-0,01347
$\Delta_{\beta}^3$	-0,01191*	0,00037	-0,01186	-0,01260	-0,01123

$\Delta^1$ : contraste entre linhagem amarela e azul;  $\Delta^2$ : contraste entre linhagem amarela e vermelha;  $\Delta^3$ : contraste entre linhagem azul e vermelha; \* Diferença significativa a 5%; ;  $p_{2,5\%}$  e  $p_{97,5\%}$ : intervalo de 95% de credibilidade.

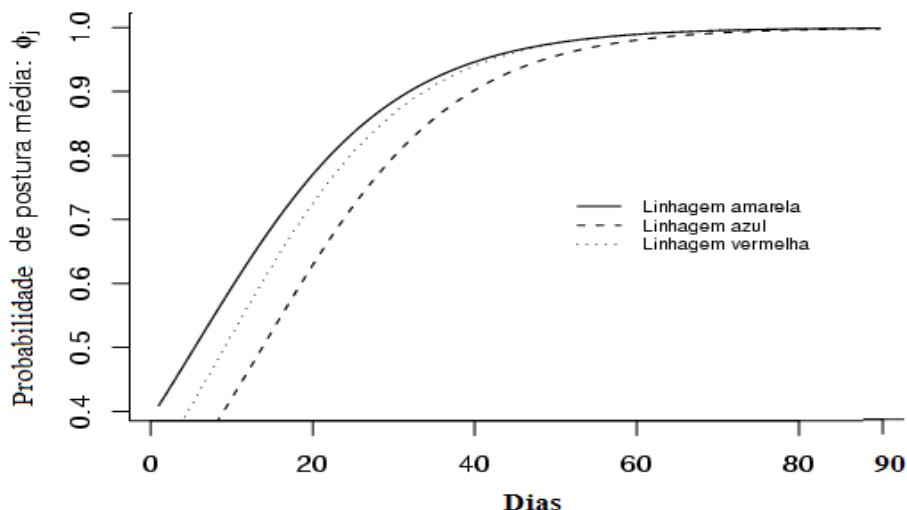


Figura 1 - Probabilidade de postura para a produção diária média *a posteriori* de ovos, por meio do modelo  $M_2$ .

Os resultados aqui encontrados são pertinentes ao período de postura inicial (90 dias), e portanto, inferências além deste período devem ser vistas com reserva. Para o período total de produção possivelmente o modelo ajustado incluiria um termo quadrático, visto que a produção entra em declínio após certo tempo.

### Conclusões

Não foram encontradas restrições ao uso da metodologia Bayesiana que pode ser utilizada como alternativa para modelar a produção diária de ovos de codornas. O modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística ( $M_2$ ) mostrou-se suficiente e adequado para o ajuste. As linhagens diferiram significativamente, considerando os parâmetros das curvas de postura média de produção de  $M_2$ . Os resultados indicam superioridade na produção média para a linhagem amarela no período de observação.

## Agradecimentos

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

## Literatura Citada

- ACHCAR, J.A.; JANEIRO, V.A Bayesian Analysis for Correlated Binary Data in the Presence of Covariates. **Journal of Applied Statistics Science**, v.11, n.3, p.195-211, 2002.
- BUSH, R.R; MOSTELLER, F. **Stochastic Models for Learning**. New York, John Wiley, 1955.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). In: **Bayesian Statistics**, 4., Oxford University Press, Oxford, 1992, p.169-193.
- GIANOLA, D. Bayesian analyses of Longitudinal Data with Quantitative Genetic Applications. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46., E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9., ESALQ/USP, 2001, Piracicaba, **Proceeding...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Estatística, 2001.
- HASEMAN, J.K., KUPPER, L.J. Analysis of Dichotomus Response Data from Certain Toxicological Experiments. **Biometrics**, n.35, p.281-293, 1979.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.
- JANEIRO, V. **Análise Bayesiana de Modelos para Dados Binários Correlacionados**. São Carlos: Universidade de São Paulo-USP/SCar, 2000. Dissertação (Mestrado em ciência da computação e matemática computacional) - Universidade de São Paulo-USP/SCar, 2000.
- MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, I., 2002, Lavras. **Proceeding...** Lavras: NECTA-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002. p.205-208.
- NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient Requirements of Poultry**. Washington, D.C., National Academy Press, 9th revised edition, 1994. 155p.
- PRENTICE, R.L. Correlated Binary Regression with Covariate Specific to Each Binary Observation. **Biometrics**, v.44, n.4, p.1033-1048, 1988.
- R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em <<http://www.R-project.org>>, 2007.
- SPIEGELHALTER, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N. et al. **BUGS - Bayesian Inference using Gibbs Sampling**. MRC Biostatistics Unit, Cambridge, 1994.
- SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P et al.. BUGS – Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society, Series B**, v.64, p.583-639, 2002.

#### IV. Aspectos genéticos de curvas de probabilidade de postura em codornas

RESUMO - No presente trabalho o objetivo foi avaliar os componentes de (co)variância e herdabilidades dos parâmetros da curva de produção de ovos em codornas. Por meio de um modelo bayesiano hierárquico, em dois estágios: o primeiro composto pelo ajustamento de uma curva de efeitos aleatórios com função de ligação logística na forma  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ , em que  $\theta_{ij}$  é a probabilidade de postura da ave  $i$  no dia  $t_j$ ; o segundo pela avaliação dos parâmetros genéticos obtidos por meio do modelo animal. Foram utilizados registros individuais diários de postura, até 90 dias a contar do primeiro ovo no lote, de 308, 374 e 378 aves, de três linhagens distintas. As aves foram alimentadas com rações contendo 2.900 ou 2.500 Kcal/kg de energia metabolizável. Observou-se que, dentro de cada linhagem, não houve diferenças entre os componentes de (co)variância e herdabilidades quando as aves foram alimentadas com rações contendo diferentes níveis de energia, indicando que não houve heterogeneidade de variância entretanto, observou-se valores nas correlações genéticas na ordem de 0,53 a 0,65 para o parâmetro  $\alpha$ , e de 0,28 a 0,30 para  $\beta$ , indicando haver interação genótipo x ambiente. As estimativas de herdabilidade, respectivamente, nas linhagens amarela, azul e vermelha, para os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  na dieta de energia preconizada foram 0,21 e 0,50; 0,12 e 0,49; 0,12 e 0,48; e na dieta de baixa energia 0,23 e 0,50; 0,13 e 0,50; 0,10 e 0,47. As estimativas dos componentes de (co)variância e herdabilidades mostraram-se significativamente diferentes ( $p < 0,05$ ) entre as linhagens, para os dois parâmetros da curva. A linhagem amarela apresentou maior herdabilidade para o parâmetro  $\alpha$ , indicando maior potencial para mudanças por seleção para a produção na fase inicial de postura. Baseado no parâmetro  $\beta$ , que representa a evolução da postura, as três linhagens apresentam o mesmo potencial.

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



#### IV. Genetic aspects of laying probability curves in quails

ABSTRACT - This study had the goal of to evaluate the components of (co)variance and heritability of the parameters of the laying production curve in quails. By using a Bayesian hierarchical model, in two stages: the first comprises the adjustment of a random effects curve with function of connection logistic in order  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ , where  $\theta_{ij}$  is the laying probability of bird  $i$  in the day  $t_j$ ; the second for assessing the genetic parameters obtained by the animal model. There were used individual daily records of laying, until 90 days after the first egg in the batch, of 308, 374 and 378 birds, from three distinct lines. The birds were fed with diets containing 2900 or 2500 kcal/kg of metabolizable energy. It was observed that, within each strain, there was no difference between the components of (co)variance and heritability when the birds were fed with diets containing different energy levels, indicating that there was no heterogeneity of variance however, it was observed values in genetic correlations in the order of 0.53 to 0.65 for the parameter  $\alpha$  and for  $\beta$  to 0.28 to 0.30, indicating genotype environment interaction. Estimates of heritability, respectively, among yellow, blue and red strains, for the parameters  $\alpha$  and  $\beta$  of used energy diet were 0.21 and 0.50, 0.12 and 0.49, 0.12 and 0.48, and for the low energy diet were of 0.23 and 0.50, 0.13 and 0.50, 0.10 and 0.47. Estimates of the components of (co)variance and heritability were shown to be significantly different ( $p < 0.05$ ) between the lines, for the two curve parameters. The yellow line showed higher heritability for the parameter  $\alpha$ , indicating greater potential for changes in selection for production at the initial stage of laying. Based on the parameter  $\beta$ , which represents the laying evolution, the three strains have the same potential.

Key Words: bayesian analysis, nonlinear curves of production, binary data correlated, animal model, genetic parameters

## Introdução

Em estudos de melhoramento genético, é comum o tipo de estrutura de dados longitudinais, além da estrutura de parentesco entre indivíduos. Gianola (2001) relata que modelos hierárquicos ou em múltiplos estágios, podem ser assumidos para estas situações. Para o primeiro estágio de análise, uma função matemática geralmente é usada para descrever a trajetória esperada dos indivíduos. Para o segundo estágio a variação entre indivíduos é incorporada a um modelo animal, considerando os parâmetros especificados no primeiro estágio.

A utilização de dados longitudinais em vez de dados acumulados, pode produzir melhores resultados, além de obter valores de herdabilidade mais representativos. Sapp et al. (2005) compararam estas performances em dados simulados de produção de ovos em galinhas de postura e concluíram pela preferência de um modelo longitudinal ao modelo acumulado.

Dentre as metodologias utilizadas para a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, destacam-se: o procedimento de estimação pela Máxima Verossimilhança Restrita (Patterson & Thompson, 1971), que segundo Wang et al. (1994) e Resende (2002) apresenta deficiências; o procedimento por modelos de Regressão Aleatória (Schaeffer, 2004; Kranis et al., 2007) cuja principal característica é modelar a (co)variância no tempo; os Modelos Lineares Generalizados (Nelder & Wedderburn, 1972) assim como a Inferência Bayesiana (Gianola & Fernando, 1986), que em especial, apresenta como alternativa poderosa, além de fornecer estimativas precisas e acuradas dos componentes de (co)variância, tende a conduzir também a uma maior aproximação entre ganhos genéticos preditos e realizados com a seleção, mesmo para modelos de grande complexidade; permite a simultânea estimação dos parâmetros

genéticos, efeitos de ambiente e valores genéticos de maneira satisfatória, mesmo para amostras pequenas.

Apesar de o Brasil estar entre os três maiores produtores mundiais de codornas (Minvielle, 2004), são poucas as instituições que trabalham com esta espécie animal, e principalmente com avaliações genéticas. Segundo Martins (2002a), os programas de melhoramento genético devem ser realizados de forma mais eficiente utilizando metodologias modernas e adequadas, para que a seleção resulte em vantagens além de contribuir para um maior incremento na produção. A colaboração dessa eficiência é em parte devida a escolha adequada da curva de postura, que representa a trajetória de produção da ave.

Neste sentido no presente trabalho os objetivos foram avaliar, em três linhagens distintas de codornas de postura, os parâmetros da curva de produção de ovos, além de obter e comparar estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos do modelo animal para cada linhagem e entre as mesmas.

### **Material e Métodos**

O experimento foi realizado no setor de Coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, pertencente à Universidade Estadual de Maringá - PR - Brasil, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007, com a utilização de 308, 374 e 378 codornas de postura (*Coturnix coturnix japonica*) das linhagens amarela, azul e vermelha (cor das anilhas), respectivamente, em desenvolvimento no local desde 2002.

Foram efetuadas incubações com ovos coletados em dois períodos de oito dias, gerando dois grupos de eclosão distintos. Os ovos foram identificados por pai e mãe de tal forma que foi possível a identificação da genealogia do pintainho ao nascimento. As

aves foram anilhadas e criadas em piso com cama, recebendo ração para crescimento conforme recomendação do NRC (1994).

Aos 28 dias de idade foi realizada a sexagem e as fêmeas foram divididas em dois grupos, de tal forma que cada matriz teve filhas nos dois grupos. Nessa idade as aves foram alojadas em gaiolas individuais e cada grupo passou a ser alimentado com um dos tipos de ração: com nível preconizado de energia (Dieta 1: 2.900 Kcal/kg de energia metabolizável) e de baixa energia (Dieta 2: 2.500 Kcal/kg de energia metabolizável).

Os dados de postura foram coletados a partir da primeira postura observada no lote e seguiu-se até o 90º dia de observação. A Tabela 1 apresenta parte da estrutura de dados de codornas da linhagem amarela.

Tabela 1 - Estrutura dos dados

Animal	Anilha			Grupo de Eclosão	Dieta	Dia				
	Ave	Pai	Mãe			1	2	3	...	90
1	31646	6816	6445	1	1	0	0	1	...	1
2	30806	27034	6000	1	2	1	1	1	...	0
3	32883	6858	6914	2	1	1	0	0	...	1
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
n	34543	6105	5735	2	2	0	0	1	...	1

Foi definido que  $Y_{ij}$ , é o valor observado da postura (=1 se a ave pôs ovo, ou =0 se não pôs ovo) no dia  $j$ , do animal  $i$ , onde  $j = 1, 2, \dots, J (=90)$  e  $i = 1, 2, \dots, n (= 308, 374$  e  $378$ , respectivamente, para as linhagens amarela, azul e vermelha).

Considerando a produção diária de ovos, um modelo de efeitos aleatórios normalmente distribuídos com função de ligação logística foi utilizado no primeiro estágio de análise, como descrito a seguir.

*Primeiro estágio:* Considerando a probabilidade de postura,  $\theta_{ij}$ , a função de probabilidade de  $Y_{ij}$  foi dada por:

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

A função de verossimilhança para os  $j$ -ésimos dias foi dada por:

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^J \theta_{ij}^{y_{ij}} (1 - \theta_{ij})^{1-y_{ij}}, \text{ e seu logaritmo por:}$$

$$l(\theta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J [y_{ij} \log \theta_{ij} + (1 - y_{ij}) \log(1 - \theta_{ij})] \quad [2]$$

Ao considerar uma função de ligação logística, de modo geral, a probabilidade de postura do animal  $i$  no dia  $t_j$ , representada por  $\theta_{ij}$ , é dada por:

$$\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}, \quad [3]$$

tal que

$$\log it(\theta_{ij}) = \alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j \quad [4]$$

onde  $\alpha_{ij} = \alpha_i$  feito aleatório do indivíduo  $i$  para todas os  $j$ -dias;  $\beta_{ij} = \beta_i$ : coeficientes de regressão do indivíduo  $i$  para todas os  $j$ -dias.

Biologicamente os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  representam, respectivamente, o início da postura e a evolução da postura (velocidade de alcance ao pico de postura) da ave.

O logaritmo da função de verossimilhança, em função dos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , foi dada por:

$$l(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J y_{ij} (\alpha_i + \beta_i t_j) + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^J (1 - y_{ij}) \log(1 - \theta_{ij}) \quad [5]$$

Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições Normais *a priori* para  $\alpha$  e  $\beta$ , tal que:  $\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$  e  $\beta_i \sim N(0, \sigma_\beta^2)$ , em que os hiperparâmetros  $\sigma_\alpha^2$  e  $\sigma_\beta^2$  são obtidos por meio da precisão  $\tau$ , ( $\sigma = 1/\sqrt{\tau}$ ), obtida por uma distribuição de probabilidade Gama *a priori* não-informativa:  $\tau \sim Gama(10^{-3}, 10^{-3})$  (valores para caracterizar uma distribuição vaga, segundo o *software* utilizado).

Médias *a posteriori* para os parâmetros da curva de probabilidade de postura de cada animal dada em (4), foram tomadas no primeiro estágio por meio do pacote BRugs implementado no programa R (R Development Core Team, 2007).

Para cada linhagem, neste estágio, utilizando valores iniciais aleatórios de uma distribuição Normal padronizada, foram geradas 10.000 amostras, por meio do método de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC), para os parâmetros de interesse. Foi utilizado um descarte inicial de 10% com um intervalo de amostragem de 5 iterações para eliminar a autocorrelação, com a obtenção de 1.800 amostras finais.

*Segundo estágio:* A estrutura dos dados foi elaborada de tal forma que foi possível verificar a existência de diferenças entre os níveis de energia das dietas. Portanto uma análise tetra-característica foi apropriada, sendo cada parâmetro tratado como característica de interesse. Para todas as linhagens, foi utilizado um modelo animal que incluiu os efeitos do grupo de eclosão e genético aditivo. Desta forma a Tabela 1 foi reformulada na Tabela 2.

Tabela 2 - Médias *a posteriori* dos parâmetros da curva de probabilidade de postura de codornas submetidas à Dieta 1: 2.900 Kcal/kg de EM e Dieta 2: 2.500 Kcal/kg de EM

Animal	Anilha			Grupo de Eclosão	Médias <i>a posteriori</i>			
	Ave	Pai	Mãe		Dieta 1		Dieta 2	
					$\alpha_1$	$\beta_1$	$\alpha_2$	$\beta_2$
1	31646	6816	6445	1	0,6852	0,01952	0	0
2	30806	27034	6000	2	-0,3100	0,09632	0	0
...	...	...	...	...	...	...	...	...
n-1	32700	6487	5738	1	0	0	0,9333	0,0372
n	34543	6105	5735	2	0	0	-0,1021	0,0951

Em uma análise tetra-característica, foi utilizado o modelo animal descrito a seguir (Sorensen & Gianola, 2002):  $\theta_i = X_i\gamma + Z_i a + e_i$ ; sendo  $i = 1, 2, \dots, n$ ;  $\theta = [\theta_{11} \ \theta_{12} \ \theta_{21} \ \theta_{22}]$ ;  $X = [X_{11} \ X_{12} \ X_{21} \ X_{22}]$ ;  $Z = [Z_{11} \ Z_{12} \ Z_{21} \ Z_{22}]$ ;  $\gamma = [\gamma_{11} \ \gamma_{12} \ \gamma_{21} \ \gamma_{22}]$  e  $a = [a_{11} \ a_{12} \ a_{21} \ a_{22}]$ , em que  $\theta_{11} = \alpha_1$  e  $\theta_{12} = \beta_1$ , são os vetores de observações para os coeficientes da curva individual, dada em (4), tratados

com a dieta 1 (2.900 Kcal/kg EM) e,  $\theta_{21} = \alpha_2$  e  $\theta_{22} = \beta_2$ , tratados com a dieta 2 (2.500 Kcal/kg EM);  $X$  e  $Z$  são matrizes de incidência dos efeitos de ambiente e genéticos, respectivamente;  $\gamma$ ,  $a$  e  $e$  são os vetores dos efeitos de ambiente, genéticos aditivos e dos erros aleatórios associados a cada observação, respectivamente.

Os resíduos foram considerados independentes entre indivíduos e normalmente distribuídos, isto é,  $e_i | R_e \sim N(0, R_e)$ , em que  $R_e$  é a matriz de (co)variância residual entre as características e  $a | A, G_0 \sim N(0, G_0 \otimes A)$ , em que  $G_0$  é a matriz de (co)variância genética entre as características e  $A$  a matriz de parentesco entre os animais. Entretanto, em função do significado biológico dos parâmetros, as covariâncias residuais entre parâmetros de um mesmo indivíduo foram consideradas não nulas e entre animais com tratamentos distintos, nulas, isto é,  $\text{cov}(e_{\alpha_i \gamma_j}) \neq 0$  se  $i=j$ , e  $\text{cov}(e_{\alpha_i \alpha_j}) = \text{cov}(e_{\gamma_i \gamma_j}) = \text{cov}(e_{\alpha_i \gamma_j}) = 0$  se  $i \neq j$ .

$$\begin{bmatrix} \theta \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\gamma \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & \emptyset \\ R & \emptyset & R \end{bmatrix} \right\} \text{ em que: } V = ZGZ' + R, \quad R = R_e \otimes I \text{ e}$$

$$G = G_0 \otimes A;$$

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{\alpha_1}^2 & \sigma_{\alpha_1 \beta_1} & \sigma_{\alpha_1 \alpha_2} & \sigma_{\alpha_1 \beta_2} \\ \sigma_{\alpha_1 \beta_1} & \sigma_{\beta_1}^2 & \sigma_{\beta_1 \alpha_2} & \sigma_{\beta_1 \beta_2} \\ \sigma_{\alpha_1 \alpha_2} & \sigma_{\beta_1 \alpha_2} & \sigma_{\alpha_2}^2 & \sigma_{\alpha_2 \beta_2} \\ \sigma_{\alpha_1 \beta_2} & \sigma_{\beta_1 \beta_2} & \sigma_{\alpha_2 \beta_2} & \sigma_{\beta_2}^2 \end{bmatrix} \text{ e } R_e = \begin{bmatrix} \sigma_{e_{\alpha_1}}^2 & \sigma_{e_{\alpha_1 \beta_1}} & \emptyset & \emptyset \\ \sigma_{e_{\alpha_1 \beta_1}} & \sigma_{e_{\beta_1}}^2 & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & \sigma_{e_{\alpha_2}}^2 & \sigma_{e_{\alpha_2 \beta_2}} \\ \emptyset & \emptyset & \sigma_{e_{\alpha_2 \beta_2}} & \sigma_{e_{\beta_2}}^2 \end{bmatrix}, \text{ tal que}$$

$\sigma_{\alpha_1}^2$ ,  $\sigma_{\beta_1}^2$ ,  $\sigma_{e_{\alpha_1}}^2$  e  $\sigma_{e_{\beta_1}}^2$  são as variâncias genéticas aditivas e de efeitos residuais, respectivamente, dos coeficientes da curva de probabilidade de postura de animais tratados com as dietas 1 e 2;  $\sigma_{\alpha_1 \beta_1}$  e  $\sigma_{e_{\alpha_1 \beta_1}}$  são as covariâncias genética aditiva e de efeito residual, respectivamente, entre as características analisadas.

Foi assumida, para o parâmetro de efeitos ambientais,  $\gamma$ , uma distribuição não-informativa constante *a priori*:  $p(\gamma) \propto cte$ ; para os componentes de (co)variância genética aditiva e residual, foram consideradas distribuições *a priori* Wishart Invertidas não-informativas:

$$p(G_0 | \nu_a, V_a) \propto |G_0|^{-\frac{1}{2}(\nu_a+k+1)} \exp\left\{-\frac{1}{2}tr(G_0^{-1}V_a^{-1})\right\} \text{ e } p(R_e | \nu_e, V_e) \propto |R_e|^{-\frac{1}{2}(\nu_e+k+1)} \exp\left\{-\frac{1}{2}tr(R_e^{-1}V_e^{-1})\right\},$$

sendo  $k$  o número de características analisadas, hiperparâmetros  $\nu_a = \nu_e < -(k+1)$  para gerar distribuições próprias e, matrizes  $V_a$  e  $V_e$  definidas positivas.

As densidades condicionais *a posteriori* dos efeitos genéticos geradas são distribuições Normais Multivariadas (NMV), definidas pelos elementos da matriz de coeficientes e do lado direito das equações de modelos mistos (Henderson, 1973):

$\theta | \cdot \sim NMV(\hat{\theta}, C^{-1})$ , tal que  $C = M'R^{-1}M + \Omega$  sendo  $M = [X:Z]$  a matriz de

incidências e  $\Omega = \begin{bmatrix} \phi & \phi \\ \phi & G_0^{-1} \otimes A^{-1} \end{bmatrix}$ . As densidades condicionais *a posteriori* das

matrizes de (co)variância seguem a forma de Wishart Invertidas (IW):

$G_0 | \cdot \sim IW \left[ (V_a^{-1} + S_a)^{-1}, \nu_a + q \right]$  e  $R_e | \cdot \sim IW \left[ (V_e^{-1} + S_e)^{-1}, \nu_e + n \right]$ , em que  $e$

representa o vetor de soluções para efeitos residuais:  $e_i = \theta_i - X_i\gamma - Z_i a$ ;  $S_e = e'e$ ;

$S_a = a'A^{-1}a$ ;  $q$ : ordem da matriz  $A$ ;  $n$ : número de animais com observações.

Foram assumidos como hiperparâmetros, valores iniciais restritos, como descritos

anteriormente:  $\nu_a = \nu_e = -6$ ;  $V_a = \begin{bmatrix} 1 & 0,5 & 0,2 & 0,1 \\ 0,5 & 1 & 0,5 & 0,5 \\ 0,2 & 0,5 & 1 & 0,5 \\ 0,1 & 0,2 & 0,5 & 1 \end{bmatrix}$  e  $V_e = \begin{bmatrix} 1 & 0,5 & \emptyset & \emptyset \\ 0,5 & 1 & \emptyset & \emptyset \\ \emptyset & \emptyset & 1 & 0,5 \\ \emptyset & \emptyset & 0,5 & 1 \end{bmatrix}$ .

Para cada linhagem, estimativas Bayesianas dos componentes de (co)variância genética aditiva, residuais e parâmetros genéticos (médias, desvios-padrão e medianas  $a$



*posteriori* das distribuições marginais condicionais) foram obtidas por meio do sistema computacional MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model*) (Van Tassel & Van Vleck, 1996), que utilizou o método de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC) para gerar 10.000.000 amostras para os parâmetros. Foi realizado um descarte inicial de 500.000 iterações e utilizado um intervalo de amostragem de 1.000 iterações para eliminar a autocorrelação, sendo obtidas 4.000 amostras finais.

A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs, em ambos estágios do procedimento, foi realizado por meio de análises gráficas e por testes diagnósticos de Geweke (1992) e de Heidelberger & Welch (1983), disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*) (Spiegelhalter et al., 1994), implementado no programa R (R Development Core Team, 2007).

Foram construídos os intervalos de credibilidade (percentis da distribuição *a posteriori*) e as regiões de alta densidade (RAD: região de maior probabilidade da ocorrência do parâmetro), para todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados, em nível de 95%. Por meio das amostras dos componentes de variância, foram obtidas as estimativas de herdabilidade.

A estrutura tetra-característica estabelecida e apresentada na Tabela 2, possibilitou fazer comparações nos níveis de energia em uma linhagem específica, além de permitir comparar as (co)variâncias e a herdabilidade entre linhagens, a fim de observar diferenças significativas a 5% entre elas em nível genético, caso o valor zero “0” não estiver contido no intervalo de credibilidade do contraste  $\Delta$ ,  $ICr[\Delta, 95\%]$ .

## Resultados e Discussão

O sumário das estimativas para componentes de (co)variância genéticos, residuais e herdabilidades dos parâmetros da curva de probabilidade de postura, com seus respectivos intervalos de credibilidade (ICr: percentis  $p_{2,5\%}$ - $p_{97,5\%}$ ) e região de alta densidade (RAD), em nível de 95%, são apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5, respectivamente, para as linhagens amarela, azul e vermelha.

De modo geral as distribuições dos parâmetros analisados foram simétricas, como pode ser notado pelas comparações entre ICr e RAD, assim como valores estimativas próximas entre a média e a mediana, *a posteriori*.

A implementação de métodos que contemplam heterogeneidade de variância tem se baseado na utilização de modelos multicaracterísticos, em que a característica que se pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, ponderando adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de (co)variância entre elas (Weigel & Gianola, 1993; Martins, 2002b e Paula, 2006).

Foi observado que, dentro de cada linhagem, não houve diferenças significativas entre os componentes de (co)variância e herdabilidades (considerando os contrastes:  $\alpha_1 - \alpha_2$ ,  $\beta_1 - \beta_2$  e  $\alpha_1\beta_1 - \alpha_2\beta_2$ ) quando as aves foram alimentadas com rações contendo diferentes níveis de energia, indicando que não houve heterogeneidade de variância.

A implementação de métodos que contemplam heterogeneidade de variância tem se baseado na utilização de modelos multicaracterísticos, em que a característica que se

pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos de ambiente e a predição dos valores genéticos, ponderando adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de (co)variâncias entre as classes (Weigel & Gianola, 1993; Martins, 2002b; Paula, 2006).

As estimativas de herdabilidades (Tabelas 3, 4 e 5), respectivamente nas linhagens amarela, azul e vermelha, para os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  na dieta com o nível preconizado de energia foram 0,21 e 0,50; 0,12 e 0,49; 0,12 e 0,48; e na dieta de baixa energia 0,23 e 0,50; 0,13 e 0,50; 0,10 e 0,47. Para ambos níveis de energia as herdabilidades para o parâmetro  $\beta$  são altas, indicando que neste estudo, nestas linhagens analisadas há variações genéticas aditivas que permita uma boa resposta à seleção.

Mandal et al. (1994) encontraram 18% a 26% de herdabilidade para produção de ovos de codornas da mesma espécie (*Coturnix coturnix japonica*). Minvielle (1998) em uma revisão sobre o melhoramento genético de codornas, citam para a produção de ovos, valores entre 32% e 39% para herdabilidade, utilizando, respectivamente, métodos de estimação por meio de Mínimos Quadrados (LS) e Máxima Verossimilhança Restrita (REML) considerando um modelo animal.

Conti (2007) analisou o mesmo banco de dados do presente trabalho, utilizando procedimento clássico por meio de Modelos Lineares Generalizados (GLM) para obtenção das estimativas dos parâmetros das curvas de cada ave e encontrou valores inferiores para a herdabilidade (energia preconizada para  $\alpha$ : 0,003; 0,002 e 0,282; para  $\beta$ : 0,065; 0,034 e 0,379; baixa energia para  $\alpha$ : 0,003; 0,004 e 0,442 e para  $\beta$ : 0,048; 0,514 e 0,502 para as linhagens amarela, azul e vermelha, respectivamente). A autora

relata que a seleção seria mais eficiente se realizada considerando a dieta de baixa energia em todas as linhagens, e conclui, por análise de correlações genéticas entre as dietas, que existe forte interação genótipo x ambiente para o parâmetro  $\beta$  na linhagem azul, recomendando que a progênie seja criada no mesmo ambiente (dieta) nos quais os pais foram selecionados para que se obtenha o ganho genético esperado. Discute também que na linhagem vermelha a seleção pode ser praticada considerando uma dieta de maior energia e a progênie criada em baixa energia sem que haja prejuízos na expressão das características da curva de probabilidade de postura. Conclui que a seleção seria mais eficiente se praticada na direção da característica velocidade de alcance ao pico de postura,  $\beta$ , considerando uma dieta de baixa energia.

Tabela 3 - Estimativas *a posteriori* dos componentes de (co)variância genéticos, residuais e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$  e  $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$  e  $\beta_2$ ) - Linhagem amarela

Componentes	Média	DP <sup>1</sup>	Mediana	p <sub>2,5%</sub>	p <sub>97,5%</sub>	RAD <sub>inf</sub>	RAD <sub>sup</sub>	
(co)Variância Genética	$\alpha_1$	0,44958	0,29170	0,37799	0,11055	1,20327	0,06663	1,01261
	$\alpha_2$	0,54790	0,44873	0,41398	0,09315	1,77161	0,04861	1,45375
	$\beta_1$	0,01402	0,00199	0,01386	0,01060	0,01836	0,01040	0,01802
	$\beta_2$	0,01550	0,00234	0,01529	0,01149	0,02054	0,01124	0,02009
	$\alpha_1\alpha_2$	0,30433	0,26659	0,24759	-0,04163	0,97348	-0,09588	0,86214
	$\alpha_1\beta_1$	-0,00710	0,01193	-0,00510	-0,03565	0,01099	-0,03202	0,01294
	$\alpha_1\beta_2$	-0,00660	0,01241	-0,00519	-0,03583	0,01501	-0,03333	0,01699
	$\alpha_2\beta_1$	0,00126	0,01249	0,00271	-0,02776	0,02299	-0,02706	0,02364
	$\alpha_2\beta_2$	-0,01240	0,01609	-0,00869	-0,05352	0,00924	-0,04810	0,01224
	$\beta_1\beta_2$	0,00428	0,00139	0,00423	0,00175	0,00715	0,00167	0,00704
	$\alpha_1-\alpha_2$	-0,09830	0,47367	-0,02862	-1,28731	0,69770	-1,11893	0,82684
	$\beta_1-\beta_2$	-0,00150	0,00299	-0,00144	-0,00740	0,00426	-0,00740	0,00423
	$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	0,00520	0,01905	0,00349	-0,02886	0,04890	-0,03111	0,04589
(co)Variância Residual	$\alpha_1$	1,63600	0,31958	1,64667	0,97068	2,24346	1,01179	2,28116
	$\alpha_1\beta_1$	-0,03870	0,01757	-0,03828	-0,07530	-0,00548	-0,07254	-0,00292
	$\beta_1$	0,01423	0,00197	0,01406	0,01087	0,01852	0,01073	0,01830
	$\alpha_2$	1,79246	0,45708	1,83759	0,73815	2,57621	0,84364	2,63856
	$\alpha_2\beta_2$	-0,03540	0,02176	-0,03445	-0,08045	0,00402	-0,07944	0,00457
	$\beta_2$	0,01542	0,00228	0,01523	0,01151	0,02040	0,01134	0,02014
	$\alpha_1-\alpha_2$	-0,15650	0,53344	-0,18655	-1,12084	0,99942	-1,14940	0,96349
	$\beta_1-\beta_2$	-0,00120	0,00302	-0,00116	-0,00731	0,00465	-0,00696	0,00495
$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	-0,00330	0,02744	-0,00376	-0,05517	0,05236	-0,05387	0,05333	
$h^2$	$\alpha_1$	0,21405	0,12885	0,18401	0,05302	0,53024	0,03505	0,46803
	$\alpha_2$	0,23140	0,17363	0,18115	0,03940	0,69542	0,02366	0,59454
	$\beta_1$	0,49614	0,04369	0,49547	0,41199	0,58180	0,41146	0,58092
	$\beta_2$	0,50127	0,04627	0,50082	0,41306	0,59164	0,41422	0,59264
	$\alpha_1\alpha_2$	-0,01743	0,19321	0,00375	-0,47329	0,32714	-0,45660	0,34277
	$\beta_1\beta_2$	-0,00515	0,06318	-0,00554	-0,12849	0,11835	-0,12548	0,12100

<sup>1</sup>DP: desvio-padrão; p<sub>2,5%</sub> e p<sub>97,5%</sub>: intervalo de 95% de credibilidade; RAD<sub>inf</sub> e RAD<sub>sup</sub>: intervalo de alta densidade.

Tabela 4 - Estimativas *a posteriori* dos componentes de (co)variância genéticos, residuais e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$  e  $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$  e  $\beta_2$ ) - Linhagem azul

Componentes	Média	DP	Mediana	p <sub>2,5%</sub>	p <sub>97,5%</sub>	RAD <sub>inf</sub>	RAD <sub>sup</sub>	
(co)Variância Genética	$\alpha_1$	0,36879	0,23731	0,30652	0,09689	0,99525	0,06407	0,84267
	$\alpha_2$	0,33323	0,22431	0,27144	0,08016	0,91365	0,04884	0,77713
	$\beta_1$	0,01274	0,00170	0,01261	0,00983	0,01647	0,00971	0,01627
	$\beta_2$	0,01184	0,00154	0,01170	0,00922	0,01522	0,00897	0,01489
	$\alpha_1\alpha_2$	0,22794	0,18366	0,18416	-0,00606	0,70404	-0,03739	0,62156
	$\alpha_1\beta_1$	-0,00601	0,00979	-0,00449	-0,02964	0,00908	-0,02624	0,01153
	$\alpha_1\beta_2$	-0,00401	0,00803	-0,00329	-0,02191	0,01003	-0,02129	0,01048
	$\alpha_2\beta_1$	0,00160	0,00861	0,00243	-0,01856	0,01670	-0,01587	0,01859
	$\alpha_2\beta_2$	-0,00530	0,00815	-0,00404	-0,02511	0,00764	-0,02269	0,00919
	$\beta_1\beta_2$	0,00352	0,00106	0,00348	0,00150	0,00567	0,00147	0,00562
	$\alpha_1-\alpha_2$	0,03555	0,25967	0,03084	-0,49031	0,58610	-0,50316	0,57110
	$\beta_1-\beta_2$	0,00090	0,00224	0,00087	-0,00351	0,00538	-0,00345	0,00542
	$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	-0,00071	0,01196	-0,00057	-0,02566	0,02273	-0,02559	0,02278
(co)Variância Residual	$\alpha_1$	2,57757	0,34995	2,57535	1,89276	3,28045	1,90182	3,28684
	$\alpha_1\beta_1$	-0,05667	0,01951	-0,05592	-0,09656	-0,02022	-0,09564	-0,01967
	$\beta_1$	0,01343	0,00177	0,01331	0,01035	0,01734	0,01013	0,01702
	$\alpha_2$	2,15858	0,31735	2,15900	1,52574	2,77332	1,55217	2,79738
	$\alpha_2\beta_2$	-0,03686	0,01665	-0,03603	-0,07161	-0,00618	-0,07012	-0,00504
	$\beta_2$	0,01195	0,00154	0,01183	0,00924	0,01529	0,00907	0,01501
	$\alpha_1-\alpha_2$	0,41900	0,44041	0,41653	-0,44801	1,29740	-0,47290	1,26149
	$\beta_1-\beta_2$	0,00148	0,00234	0,00145	-0,00307	0,00617	-0,00319	0,00598
$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	-0,01981	0,02512	-0,01981	-0,06950	0,02838	-0,07102	0,02652	
$h^2$	$\alpha_1$	0,12492	0,07739	0,10539	0,03294	0,32575	0,02409	0,28302
	$\alpha_2$	0,13392	0,08730	0,10957	0,03136	0,35780	0,01895	0,30603
	$\beta_1$	0,48694	0,04145	0,48688	0,40641	0,56931	0,40323	0,56590
	$\beta_2$	0,49768	0,03974	0,49772	0,42034	0,57577	0,42029	0,57565
	$\alpha_1.\alpha_2$	-0,00901	0,09297	-0,00483	-0,21299	0,17550	-0,21680	0,17000
	$\beta_1.\beta_2$	-0,01072	0,05692	-0,01096	-0,12111	0,10103	-0,12253	0,09956

<sup>1</sup>DP: desvio-padrão; p<sub>2,5%</sub> e p<sub>97,5%</sub>: intervalo de 95% de credibilidade; RAD<sub>inf</sub> e RAD<sub>sup</sub>: intervalo de alta densidade.

Tabela 5 - Estimativas *a posteriori* dos componentes de (co)variância genéticos, residuais e herdabilidades ( $h^2$ ) para os parâmetros da curva de postura com alta ( $\alpha_1$  e  $\beta_1$ ) e baixa energia ( $\alpha_2$  e  $\beta_2$ ) - Linhagem vermelha

Componentes	Média	DP	Mediana	p <sub>2,5%</sub>	p <sub>97,5%</sub>	RAD <sub>inf</sub>	RAD <sub>sup</sub>	
(co)Variância Genética	$\alpha_1$	0,40950	0,29036	0,32724	0,09526	1,21924	0,06512	1,01244
	$\alpha_2$	0,45856	0,44521	0,31118	0,08059	1,67324	0,04069	1,31407
	$\beta_1$	0,01206	0,00156	0,01195	0,00936	0,01547	0,00919	0,01524
	$\beta_2$	0,01336	0,00185	0,01320	0,01021	0,01744	0,00994	0,01705
	$\alpha_1\alpha_2$	0,22902	0,24150	0,17042	-0,09856	0,85258	-0,15488	0,76965
	$\alpha_1\beta_1$	-0,00843	0,01097	-0,00621	-0,03604	0,00703	-0,03199	0,00884
	$\alpha_1\beta_2$	-0,00494	0,01069	-0,00363	-0,03027	0,01350	-0,02760	0,01563
	$\alpha_2\beta_1$	-0,00032	0,01053	0,00125	-0,02569	0,01719	-0,02202	0,01945
	$\alpha_2\beta_2$	-0,01015	0,01456	-0,00660	-0,04785	0,00733	-0,04018	0,01030
	$\beta_1\beta_2$	0,00376	0,00111	0,00373	0,00168	0,00601	0,00164	0,00597
	$\alpha_1-\alpha_2$	-0,04907	0,49380	0,00906	-1,27064	0,79565	-1,13005	0,91932
	$\beta_1-\beta_2$	-0,00130	0,00236	-0,00124	-0,00603	0,00313	-0,00579	0,00331
	$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	0,00173	0,01739	0,00044	-0,02968	0,04133	-0,03211	0,03745
(co)Variância Residual	$\alpha_1$	3,19679	0,42899	3,19802	2,35421	4,05451	2,34310	4,03081
	$\alpha_1\beta_1$	-0,07933	0,02163	-0,07833	-0,12402	-0,03904	-0,12111	-0,03651
	$\beta_1$	0,01332	0,00169	0,01322	0,01035	0,01702	0,01007	0,01661
	$\alpha_2$	3,95600	0,61853	3,97791	2,64798	5,11882	2,71360	5,16136
	$\alpha_2\beta_2$	-0,09608	0,02820	-0,09524	-0,15441	-0,04301	-0,15087	-0,04079
	$\beta_2$	0,01509	0,00208	0,01493	0,01148	0,01967	0,01133	0,01938
	$\alpha_1-\alpha_2$	-0,75921	0,73842	-0,77507	-2,15239	0,74647	-2,17351	0,71443
	$\beta_1-\beta_2$	-0,00177	0,00267	-0,00174	-0,00711	0,00341	-0,00730	0,00319
$\alpha_1\beta_1-\alpha_2\beta_2$	0,01675	0,03523	0,01647	-0,05060	0,08714	-0,05060	0,08716	
$h^2$	$\alpha_1$	0,11349	0,07792	0,09184	0,02622	0,32578	0,01593	0,27291
	$\alpha_2$	0,10411	0,09709	0,07159	0,01790	0,37208	0,01047	0,30049
	$\beta_1$	0,47536	0,04121	0,47472	0,39570	0,55753	0,39310	0,55419
	$\beta_2$	0,46975	0,04410	0,46890	0,38589	0,55739	0,38550	0,55659
	$\alpha_1.\alpha_2$	0,00940	0,11523	0,01602	-0,27157	0,22985	-0,23883	0,26023
	$\beta_1.\beta_2$	0,00560	0,05932	0,00506	-0,11188	0,12127	-0,11315	0,11971

<sup>1</sup>DP: desvio-padrão; p<sub>2,5%</sub> e p<sub>97,5%</sub>: intervalo de 95% de credibilidade; RAD<sub>inf</sub> e RAD<sub>sup</sub>: intervalo de alta densidade.

As correlações genéticas entre os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  entre níveis de energia, para as três linhagens, apresentada na Tabela 6 mostram a presença de interação genótipo x ambiente, que é mais intensa para o parâmetro  $\beta$  do que para  $\alpha$ . Assim a seleção para esses parâmetros no ambiente de alta energia resultará em menor ganho genético, isto se os animais forem criados no ambiente de menor energia ao invés do ambiente de alta energia.

Alguns experimentos têm demonstrado que o comportamento das aves pode ser modificado por meio da seleção e que interações genótipo x ambiente são comuns para muitos comportamentos (Ton, 2004).

Tabela 6 - Médias *a posteriori* da correlação genética para os coeficientes das curvas de probabilidade de postura em diferentes níveis de energia

<i>Linhagem</i>		<i>Características</i>			
		$\alpha_1$	$\alpha_2$	$\beta_1$	$\beta_2$
Amarela	$\alpha_1$	-	0,613	-0,089	-0,079
	$\alpha_2$		-	0,014	-0,135
	$\beta_1$			-	0,290
	$\beta_2$				-
Azul	$\alpha_1$	-	0,650	-0,088	-0,061
	$\alpha_2$		-	0,246	-0,084
	$\beta_1$			-	0,287
	$\beta_2$				-
Vermelha	$\alpha_1$	-	0,529	-0,120	-0,067
	$\alpha_2$		-	-0,005	-0,130
	$\beta_1$			-	0,296
	$\beta_2$				-

As informações disponibilizadas na Tabela 7, indicam que todas linhagens de codornas de postura apresentaram diferenças significativas entre elas, com relação à herdabilidade dos parâmetros das curvas, indicando diferentes potenciais de respostas à seleção para a produção de ovos. Entretanto, verifica-se o fato da linhagem amarela apresentar maior herdabilidade para o parâmetros  $\alpha$ , indicando maior potencial para mudanças por seleção para a produção na fase inicial de postura. Baseado no parâmetro  $\beta$  (velocidade de alcance do pico de postura), as três linhagens apresentam o mesmo potencial.

Considerando as estimativas dos componentes de covariância genética aditiva entre as constantes das curvas nos diferentes níveis energia ( $\alpha_1\alpha_2$ ), as linhagens amarela e vermelha diferiram, mostrando que essas duas linhagens apresentam diferentes alterações nos efeitos genéticos que afetam o início da postura quando há mudança no nível de energia da ração.



As três linhagens diferiram entre si quanto a estimativa da covariância genética aditiva, entre os parâmetros lineares da curva de probabilidade de postura em diferentes níveis de energia ( $\beta_1\beta_2$ ), apresentando diferentes alterações nos efeitos genéticos que determinam a evolução da postura quando há mudança no nível de energia da ração.

A estimativa de covariância genética aditiva entre os parâmetros da curva de probabilidade de postura em energia preconizada ( $\alpha_1\beta_1$ ), na linhagem vermelha foi diferente da amarela e azul, entretanto, em baixa energia ( $\alpha_2\beta_2$ ) esta covariância apenas diferiu entre azul e vermelha. Nestas duas situações a linhagem vermelha apresentou menor associação entre os efeitos genéticos que determinam o início e a evolução da postura.

Com relação a variação residual, apenas as linhagens amarela e azul não apresentam diferenças significativas, em ambiente com baixo nível de energia ( $\alpha_2\beta_2$ ).

Georg (2004) analisou as mesmas linhagens desde estudo e conclui para a característica “peso do ovo”, que as três linhagens de codornas foram diferentes, sendo a linhagem amarela de melhor resposta, que a linhagem vermelha apresenta baixo potencial de resposta à seleção para a mesma característica e, para a característica “espessura da casca de ovo”, complementou que as três linhagens apresentaram potencial semelhante de resposta à seleção

Móri et al. (2005) analisaram codornas de postura por meio de modelos lineares e concluíram que para produção de ovos não foram detectadas diferenças estatísticas entre quatro grupos genéticos, embora dois deles tenham apresentado discreta tendência de superioridade na porcentagem média de produção em relação aos demais grupos. Complementam que esse resultado é similar ao relatado por Altan et al. (1998), já que não encontraram diferenças significativas para produção de ovos de linhagens selecionadas para “alto ganho de peso”, além de reportarem que Minvielle (2004),

Piccinin et al. (2004), Anthony et al. (1990) e Marks (1979) não encontraram diferenças para “produção de ovos” entre as linhagens estudadas.

Convém ressaltar que as diferenças entre os resultados do presente trabalho e os obtidos na literatura podem ser explicadas pela variabilidade genética entre as aves utilizadas nas diferentes investigações, nas análises de diferentes características e metodologias. Além disto, os resultados aqui encontrados são pertinentes ao período de postura inicial (90 dias), e portanto, inferências além deste período devem ser vistas com reserva. Para o período total de produção possivelmente o modelo ajustado incluiria um termo quadrático, visto que a produção entra em declínio após certo tempo. A inclusão de mais um parâmetro provavelmente alteraria as estimativas dos componentes de (co)variâncias.

Tabela 7 - Comparações *a posteriori* entre linhagens, considerando covariâncias genéticas, residuais e herdabilidades

Parâmetros	Linhagens	Média	DP <sup>1</sup>	Mediana	p <sub>2.5%</sub>	p <sub>97.5%</sub>	
Covariância Genética	$\alpha_1\alpha_2$	Amarela X Azul	0,07638	0,08466	0,06344	-0,03615	0,26970
		Amarela X Vermelha	0,07531*	0,03190	0,07811	0,03583	0,11916
		Azul X Vermelha	-0,00108	0,06045	0,01384	-0,14864	0,09288
	$\alpha_1\beta_1$	Amarela X Azul	-0,00109	0,00217	-0,00061	-0,00603	0,00192
		Amarela X Vermelha	0,00132*	0,00119	0,00110	0,00018	0,00399
		Azul X Vermelha	0,00241*	0,00136	0,00184	0,00146	0,00639
	$\alpha_1\beta_2$	Amarela X Azul	-0,00259	0,00440	-0,00191	-0,01395	0,00507
		Amarela X Vermelha	-0,00166	0,00175	-0,00156	-0,00556	0,00148
		Azul X Vermelha	0,00092	0,00268	0,00036	-0,00357	0,00838
	$\alpha_2\beta_1$	Amarela X Azul	-0,00034	0,00391	0,00028	-0,00920	0,00627
		Amarela X Vermelha	0,00158	0,00202	0,00146	-0,00215	0,00577
		Azul X Vermelha	0,00191	0,00203	0,00118	-0,00036	0,00710
	$\alpha_2\beta_2$	Amarela X Azul	-0,00705	0,00803	-0,00465	-0,02839	0,00161
		Amarela X Vermelha	-0,00220	0,00242	-0,00204	-0,00647	0,00207
		Azul X Vermelha	0,00485*	0,00678	0,00256	0,00011	0,02280
	$\beta_1\beta_2$	Amarela X Azul	0,00076*	0,00033	0,00074	0,00024	0,00148
		Amarela X Vermelha	0,00052*	0,00028	0,00050	0,00008	0,00114
		Azul X Vermelha	-0,00024*	0,00006	-0,00024	-0,00033	-0,00016
Covariância Residual	$\alpha_1\beta_1$	Amarela X Azul	0,01797*	0,00197	0,01762	0,01467	0,02144
		Amarela X Vermelha	0,04063*	0,00407	0,04005	0,03358	0,04873
		Azul X Vermelha	0,02266*	0,00215	0,02241	0,01909	0,02748
	$\alpha_2\beta_2$	Amarela X Azul	0,00142	0,00512	0,00159	-0,00882	0,01032
		Amarela X Vermelha	0,06063*	0,00648	0,06078	0,04722	0,07409
		Azul X Vermelha	0,05922*	0,01156	0,05919	0,03701	0,08281
Herdabilidade	$\alpha_1$	Amarela X Azul	0,08118*	0,01849	0,08062	0,05332	0,11638
		Amarela X Vermelha	0,09290*	0,01831	0,09406	0,06285	0,11880
		Azul X Vermelha	0,01172*	0,00311	0,01192	0,00233	0,01534
	$\alpha_2$	Amarela X Azul	0,08199*	0,03324	0,07358	0,04562	0,16271
		Amarela X Vermelha	0,11358*	0,02935	0,11215	0,07286	0,16136
		Azul X Vermelha	0,03159*	0,01165	0,03512	0,00037	0,03979
	$\beta_1$	Amarela X Azul	0,00927*	0,00115	0,00951	0,00697	0,01062
		Amarela X Vermelha	0,02092*	0,00103	0,02106	0,01893	0,02223
		Azul X Vermelha	0,01165*	0,00119	0,01165	0,00969	0,01373
	$\beta_2$	Amarela X Azul	0,00362*	0,00141	0,00359	0,00106	0,00510
		Amarela X Vermelha	0,03177*	0,00145	0,03152	0,02948	0,03411
		Azul X Vermelha	0,02815*	0,00074	0,02803	0,02738	0,02925

\*Diferença significativa a 5% por meio de comparações Bayesianas; <sup>1</sup>DP: desvio-padrão; p<sub>2.5%</sub> e p<sub>97.5%</sub>: intervalo de 95% de credibilidade.

## Conclusões

As linhagens de codornas de postura avaliadas neste estudo apresentaram diferenças significativas com relação a herdabilidade dos parâmetros das curvas de probabilidade de postura, indicando diferentes potenciais de respostas à seleção para a

produção de ovos. Entretanto, para as mesmas estimativas, não foram observadas diferenças significativas entre os níveis de energia dentro de cada linhagem analisada, indicando que não houve heterogeneidade de variância, além do que foram encontrados valores de correlações genéticas que indicam haver interação genótipo x ambiente e, portanto a seleção para os parâmetros da curva de produção no ambiente de alta energia resultará em menor ganho genético se os animais forem criados no ambiente de menor energia ao invés do ambiente de alta energia.

Mudanças na produção de ovos podem ser eficientemente obtidas por seleção com base no parâmetro  $\beta$  nas três linhagens e com base no parâmetro  $\alpha$  apenas na linhagem amarela.

### **Agradecimentos**

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

### **Literatura Citada**

- ALTAN, O.; OGUZ, I.; AKBAS, Y. Effects of selection for body weight and age of hen on egg characteristics in japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Turkish Journal Veterinary Animal Sciences**, v.22, n.6, p.467-473, 1998.
- ANTHONY, N.B.; EMMERSON, D.A.; NESTOR, K.E. et al. Divergent selection for body weight and yolk precursor in *Coturnix coturnix japonica*. 8. A summary of correlated responses. **Poultry Science**, v.69, n.10, p.1055-1063, 1990.
- CONTI, A.C.M. **Análise genética da probabilidade diária de postura em três linhagens de codornas**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2007. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, 2007.
- GEORG, P.C. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características do ovo, em três linhagens de codornas de postura**. TCC do curso de Zootecnia - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2004.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). In: **Bayesian Statistics**, 4.,. Oxford University Press, Oxford, 1992, p.169-193.

- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-277, 1986.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.
- HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.
- KRANIS, A.; SU, G.; SORENSEN, D. A. et al. The Application of Random Regression Models in the Genetic Analysis of Monthly Egg Production in Turkeys and a Comparison with Alternative Longitudinal Models. **Poultry Science**, v.86, p.470-475, 2007.
- MANDAL, K.G., SINEA, R.; MISHRA, S.K. 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.
- MARKS, H.L. Changes in unselected traits accompanying long term selection of four-week body weight in Japanese Quail. **Poultry Science**, v.58, n.2, p.269-274, 1979.
- MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, I., 2002, Lavras. **Proceeding...** Lavras: NECTA-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002a. p.205-208.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variâncias. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39., Recife. **Proceeding...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002b, p.205-214.
- MINVIELLE, F. Genetics and breeding of Japanese quail for production around the world. In: ASIAN PACIFIC POULTRY CONGRESS, 6., 1998, Nagoia. **Proceeding...** Nagoia: Poultry Science Association, 1998. p.122-127.
- MINVIELLE, F. The future of Japanese quail for research and production. **World's Poultry Science Journal**, v.60, p.50-507, 2004.
- MÓRI, C.; GARCIA, E.A.; PAVAN, A.C. et al. Desempenho e Qualidade dos Ovos de Codornas de Quatro Grupos Genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.864-869, 2005.
- NELDER, J.A.; WEDDERBURN, R.W.M. Generalized Linear Models. **Journal of the Royal Statistical Society A**, v.135, n.3, p.370-384, 1972.
- NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient Requirements of Poultry**. Washington, D.C., National Academy Press, 9th revised edition, 1994. 155p.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v.58, p.545-554, 1971.
- PAULA, M.C. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente para produção de leite em bovinos da raça holandesa no estado do Paraná**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006, 84p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, 2006.
- PICCININ, A.; MALHADO, C.H. M.; MORI, C. et al. Análise da curva de postura de três linhagens de codorna utilizando a técnica não paramétrica Kernel. In: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5., **Proceeding...**, Pirassununga: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004.
- R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em <<http://www.R-project.org>>, 2007.
- RESENDE, M.D.V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

- SAPP, R.L.; REKAYA, R.; MISZTAL, I. et al. Longitudinal Multiple-Trait Versus Cumulative Single-Trait Analysis of Male and Female Fertility and Hatchability in Chickens. Research Note, **Poultry Science**, v.84, p.1010-1014, 2005.
- SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45, 2004.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Statistics for Biology and Health**. New York: Springer-Verlag, 2002.
- SPIEGELHALTER, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N. et al. **BUGS - Bayesian Inference using Gibbs Sampling**. MRC Biostatistics Unit, Cambridge, 1994.
- TON, A.P.S., MARTINS, E.N., SAKAGUTI, E.S. et al. **Estimativa da Interação Genótipo x Ambiente Na Produção de Ovos de Codornas De Postura**. In: II SIMPÓSIO INTERNACIONAL E I CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2004. p.235.
- VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WANG, C.S.; GIANOLA, D.; SORENSEN, D.A. et al. Response to selection for litter size in Danish Landrace pigs: a Bayesian analysis. **Theory Applied Genetics**, v.88, n.2, p.220-230, 1994.
- WEIGEL, K. A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.

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

RESUMO - Neste trabalho objetivou-se verificar se a seleção é influenciada pela observação da postura parcial de ovos em vez da postura diária total, em codornas. Considerou-se como características analisadas os parâmetros da curva de probabilidade de postura, em um modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística na forma  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ , sendo  $\theta_{ij}$  a probabilidade de postura da ave  $i$  no dia  $t_j$ , por meio de um modelo bayesiano para o primeiro estágio de análises, e estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos do modelo animal foram obtidos no segundo estágio do procedimento. Observou-se superestimação dos parâmetros da curva média de produção em relação a da amostra total nas coletas sistemáticas (coletas 1 vez a cada 14 dias, 1 ou 2 vezes a cada 7 dias) e parciais (nos 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias consecutivos). Os valores das herdabilidades, para o parâmetro que representa o início da postura ( $\alpha$ ) foram 0,54, 0,14, 0,12 e 0,07, para o parâmetro que representa a evolução da postura ( $\beta$ ) foram; 0,36, 0,37, 0,40 e 0,47, respectivamente, nas coletas sistemáticas e total. Nas coletas parciais e total, respectivamente, os valores foram 0,04, 0,03, 0,06, 0,12, 0,17 e 0,25; 0,25, 0,33, 0,33, 0,32, 0,41 e 0,51. Verificou-se nas coletas sistemáticas que enquanto os valores de herdabilidade para o parâmetro que representa o início da postura decresce o outro cresce à medida que o tamanho amostral aumenta, no entanto, nas coletas parciais, os valores crescem para ambos os parâmetros. Dos 100 melhores animais classificados, verificou-se que a correlação entre os escores dos animais selecionados nas sub-amostras e a amostra total foi baixa (entre -0,13 e +0,13) indicando que o índice de seleção utilizado foi afetado.

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

## **V. Influence of samples systematic and partial on quail selection based on curves of laying probability**

ABSTRACT - This study aimed to verify if the selection is influenced by the observation of partial laying instead of total daily laying in quails. It was considered as analyzed characteristics the parameters of the laying probability curve, in a random effects model with function of connection logistic in order  $\theta_{ij} = \exp(\alpha_i + \beta_i t_j) / [1 + \exp(\alpha_i + \beta_i t_j)]$ , being  $\theta_{ij}$  the  $i$  bird laying probability on day  $t_j$ , using a Bayesian model for the first stage of analysis, and estimative of (co)variance components and genetic parameters of the animal model were got in the second stage of the procedure. There was an overestimating the parameters of the average production curve for the total sample in systematic collection (collected 1 time every 14 days, 1 or 2 times every 7 days) and partial (at 15, 30, 45, 60, 75 and 90 consecutive days). The heritability values, for the parameter that represents the beginning of posture ( $\alpha$ ) were 0.54, 0.14, 0.12 and 0.07; for the parameter that represents the laying evolution ( $\beta$ ) were; 0, 36, 0.37, 0.40 and 0.47, respectively, in total and systematic collection. In partial and total collections, respectively, the values were 0.04, 0.03, 0.06, 0.12, 0.17 and 0.25, 0.25, 0.33, 0.33, 0.32, 0.41 and 0.51. It was found in the systematic collection that while the of heritability values for the parameter that represents the beginning of laying decreases the other increases as the sample size increases, however, in partial collections, the values increases for both parameters. Of the top 100 animals classified, it was found that the correlation between the scores of animals selected in the sub-samples and the total sample was low (between -0.13 and 0.13) indicating that the used selection index was affected.

Key words: bayesian analysis, nonlinear curves of production, correlated binary data, genetic parameters, animal selection



## Introdução

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

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

Segundo Martins (1982 e 2002b), a seleção baseada na produção total é capaz de gerar maior ganho genético para esta característica. Relata que a utilização da seleção indireta, tomando-se como critério de seleção a produção acumulada durante a fase inicial da postura, pode ser uma alternativa para solucionar problemas de aumento do intervalo de geração e de que animais selecionados a esta idade apresentam menores taxas de postura e fertilidade, implicando em um maior esforço para multiplicação do material selecionado. Boukila et al. (1987) citam que observações parciais da produção são vantajosas nestes casos, visto que são menos afetadas pelas variações ambientais.

Santos (2003), trabalhando com codornas de postura, analisou produções parciais acumuladas e totais, e observou um aumento no ganho genético indireto por meio da seleção parcial.

Com este trabalho objetivou-se verificar se a seleção animal é influenciada pela observação sistemática ou parcial da postura de ovos de codornas, em vez da diária total (referência), considerando como características analisadas, os parâmetros da curva de postura de cada ave por meio de um procedimento bayesiano.

### **Material e Métodos**

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

Foram efetuadas incubações com ovos coletados em dois períodos de oito dias, gerando dois grupos de eclosão distintos. Os ovos foram identificados por pai e mãe de tal forma que foi possível a identificação da genealogia do pintainho ao nascimento. As aves foram anilhadas e criadas em piso com cama, recebendo ração para crescimento conforme recomendação do NRC (1994).

Aos 28 dias de idade foi realizada a sexagem e as fêmeas foram divididas em dois grupos de eclosão, de tal forma que cada matriz teve filhas em ambos os grupos. Nessa idade as aves foram alojadas em gaiolas individuais e cada grupo passou a ser alimentado com um dos tipos de ração: com nível preconizado de energia (Dieta 1: 2.900 Kcal/kg de energia metabolizável) e de baixa energia (Dieta 2: 2.500 Kcal/kg de energia metabolizável).

O nível de energia e grupo de eclosão foram considerados como efeitos de ambiente em modelo animal.

Os dados de postura foram coletados a partir da primeira postura observada no lote e seguiu-se até o 90º dia de observação. A Tabela 1 apresenta parte da estrutura de dados das codornas.

Tabela 1 - Estrutura dos dados

Animal	Anilha			Grupo de Eclosão	Dieta	Dia				
	Ave	Pai	Mãe			1	2	3	...	90
1	31646	6816	6445	1	1	0	0	1	...	1
2	30806	27034	6000	1	2	1	1	1	...	0
3	32883	6858	6914	2	1	1	0	0	...	1
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
n	34543	6105	5735	2	2	0	0	1	...	1

Foi definido que  $Y_{ij}$ , o valor observado da postura no dia  $j$ , do animal  $i$ , onde  $j = 1, 2, \dots, J (=90)$  e  $i = 1, 2, \dots, n (=308)$ .

Dois tipos de coletas foram tomadas da observação total de referência (coletas em 90 dias consecutivos) a fim de se estudar o comportamento de variáveis de interesse: (1) através da coleta sistemática, isto é, em saltos (1x14: uma coleta a cada 14 dias; 1x7: uma coleta a cada 7 dias; 2x7: duas coletas a cada 7 dias) e (2) através da coleta em períodos parciais (coletas em 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos após o primeiro ovo no lote).

A hipótese de não haver diferenças entre a amostra total e as coletas sistemáticas e parciais, é de grande importância, pois se poderia optar pelas coletas menores, já que serão menos custosas principalmente em termos financeiros além de minimizar as variações ambientais.

Para cada situação amostral, estimativas Bayesianas (média, mediana, desvio-padrão, intervalos de credibilidade assim como região de alta densidade *a posteriori*) foram obtidas para os parâmetros da curva de postura individual correspondente. As

médias *a posteriori* foram consideradas como características observadas em um modelo animal, a fim de se obter estimativas para os parâmetros genéticos.

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

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

Ao considerar uma função de ligação logística, de modo geral, a probabilidade de postura do animal  $i$  no dia  $t_j$ , agora  $\theta_{ij}$ , foi dada por:  $\theta_{ij} = \frac{\exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}{1 + \exp\{\alpha_{ij} + \beta_{ij}t_j\}}$ , tal que

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

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

Biologicamente os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  representam, respectivamente o início da postura e a evolução da postura (velocidade de alcance ao pico de postura) da ave.

Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições Normais *a priori* para  $\alpha$  e  $\beta$ , tal que:  $\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$  e  $\beta_i \sim N(0, \sigma_\beta^2)$ , em que os hiperparâmetros  $\sigma_\alpha^2$  e  $\sigma_\beta^2$  são obtidos por meio da precisão  $\tau$ , ( $\sigma = 1/\sqrt{\tau}$ ), obtida por uma distribuição de probabilidade Gama *a priori* não-informativa:  $\tau \sim \text{Gama}(10^{-3}, 10^{-3})$  (valores para caracterizar uma distribuição vaga, segundo o *software* utilizado).

Médias *a posteriori* para os parâmetros da curva de probabilidade de postura de cada animal dada em (1), foram tomadas no primeiro estágio por meio do pacote BRugs implementado no programa R (R Development Core Team, 2007) de acordo com o modelo descrito e utilizadas no estágio seguinte, onde estimativas dos parâmetros genéticos e residuais, provenientes do modelo animal descrito por Sorensen & Gianola

(2002), foram obtidos por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model*) (Van Tassel & Van Vleck, 1996).

Os parâmetros de interesse provenientes do modelo animal:  $\theta_i = X_i\gamma + Z_i a + e_i$ ;  $i = 1, 2, \dots, n$ , foram estimados simultaneamente, em análises multicaracterísticas: bi-característica, octa-característica e dode-característica, para estudar a viabilidade do uso das sub-amostragens.

Para o caso bi-característico o vetor de parâmetros da curva de postura,  $\theta'_i = [\alpha_i \ \beta_i]$ , foi considerado como características no modelo animal para cada sub-amostra sistemática (coleta em 1x14, 1x7 e 2x7 dias); cada sub-amostra parcial (coletas em 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos) e a amostra total (coletas em 90 dias consecutivos).

$X$  e  $Z$  representam as matrizes de incidência dos efeitos de ambiente e genéticos, respectivamente;  $\gamma$ ,  $a$  e  $e$  são os vetores dos efeitos de ambiente, genéticos aditivos e dos erros aleatórios associados a cada observação, respectivamente.

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

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

As densidades condicionais *a posteriori* dos efeitos genéticos geradas foram por meio de distribuições Normais Multivariadas, definidas pelos elementos da matriz de

coeficientes e do lado direito das equações de modelos mistos (Henderson, 1973). As densidades condicionais *a posteriori* das matrizes de (co)variância seguiram a forma de Wishart Invertidas.

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

O ganho genético obtido pela seleção direta em uma característica é dado por:  $\Delta_G = h^2 i \sqrt{\sigma_Y^2} = hi \sqrt{\sigma_a^2}$ , em que  $h^2$  = herdabilidade,  $i$  = intensidade de seleção e  $\sigma_Y^2$  = variância fenotípica. Porém o ganho genético obtido se a seleção é feita com base em um índice na forma  $I = b' \hat{a}$  em que  $b'$  é o vetor de ponderações e  $\hat{a}$  o vetor de predições de valores genéticos, é dado por:  $\Delta_G = \frac{Gb}{\sqrt{b'Gb}} i$ , em que  $G$  é a matriz de (co) variância genética para as características envolvidas no índice. Daí decorre que  $\Delta_G \propto Gb$  e assim o vetor de ponderações  $b$  pode ser estabelecido por  $b = G^{-1} \Delta_{G_d}$ , em que  $\Delta_{G_d}$  é o ganho genético desejado.

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

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

Dado que  $i$  é constante no processo de seleção,  $\Delta_{G_d}$  padronizado é dado por:

$$\Delta_{G_d} = \begin{bmatrix} h_\alpha \\ h_\beta \end{bmatrix}. \text{ Desta forma estabeleceu-se um índice de seleção envolvendo os valores}$$

genéticos para os parâmetros da curva de postura,  $\alpha$  e  $\beta$ , na forma:

$$I = \hat{b}_\alpha a_\alpha + \hat{b}_\beta a_\beta \quad [2]$$

O sistema índice de seleção combinado considera, simultaneamente, todos os caracteres de interesse, gerando uma variável adicional (componente principal) que resulta da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes calculados com base nas herdabilidades, valores econômicos relativos e correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres. Os índices de seleção são, teoricamente, mais eficientes que outros sistemas conhecidos na literatura (Resende, 2002; Barwick, 1992).

Cada animal foi classificado de acordo com seu índice, dado por (2), e por meio do método não-paramétrico de Spearman (1904), e em seguida foi calculado o coeficiente de correlação por postos entre as amostras (sistemática/parcial e total) duas a duas ( $r_{s, total}$ ). Uma taxa de coincidência ( $C$ ) foi obtida selecionando os 100 melhores animais (maiores índices) em cada sub-amostra (sistemática e parcial) e comparada à amostra de referência (total), isto é, o percentual de animais cuja classificação não foi alterada.

Uma análise octa-característica foi utilizada para obter as correlações genéticas, fenotípicas e herdabilidades de modo integral entre as coletas sistemáticas (coletas em 2x7, 1x7 e 1x14 dias) e a amostra total considerando a coleta em 90 dias completos (referência), assim como uma análise dode-característica foi utilizada para obter as correlações genéticas, fenotípicas e herdabilidades de modo integral entre as coletas parciais (coletas em 15, 30, 45, 60, 75 dias consecutivos) e a amostra total (coletas em 90 dias consecutivos).

Para cada análise, estimativas Bayesianas dos componentes de (co)variância genética aditiva e residual (médias *a posteriori* das distribuições marginais condicionais) foram obtidas por meio do sistema computacional MTGSAM, que utilizou o método de Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC) para gerar 10.000.000 amostras para os parâmetros. Foi utilizado um descarte inicial de 500.000

iterações e um intervalo de amostragem de 1.000 iterações para eliminar a autocorrelação, sendo obtidas 4.000 amostras finais. A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análises gráficas e dos testes diagnósticos de Geweke (1992) e Heidelberger & Welch (1983), disponíveis no pacote CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*) (Spiegelhalter et al., 1994), implementado no programa R (R Development Core Team, 2007).

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

## **Resultados e Discussão**

Observou-se, nas coletas menores, superestimação dos parâmetros da curva média de produção em relação à da amostra total (Figuras 1 e 2).

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

A implementação de métodos que contemplam heterogeneidade de variância tem se baseado na utilização de modelos multicaracterísticos, em que a característica que se pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de



heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, ponderando adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de (co)variância entre elas (Weigel & Gianola, 1993; Martins, 2002b e Paula, 2006).

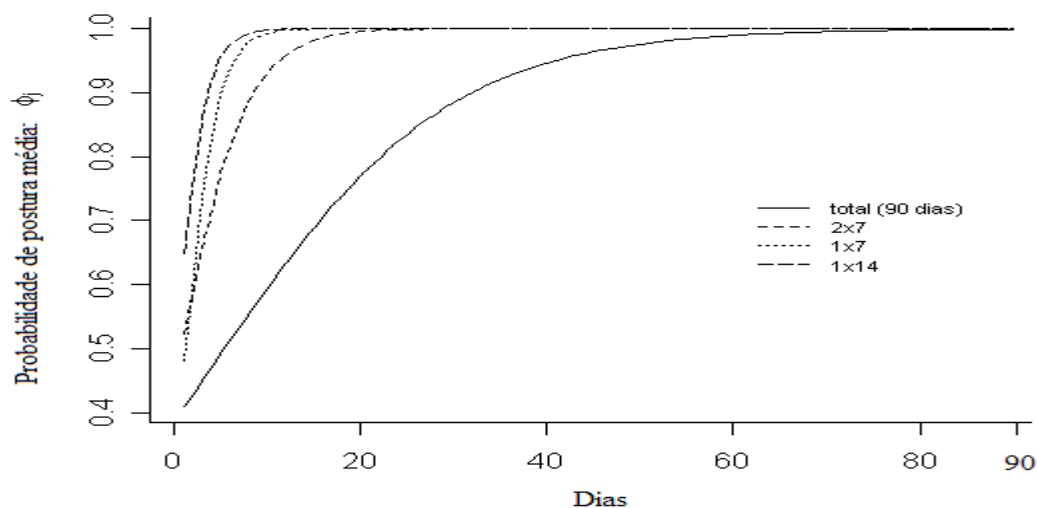


Figura 1 - Comparação gráfica entre curvas de probabilidade de postura média *a posteriori* para a produção de ovos, considerando as coletas sistemáticas 2x7 (duas coletas por semana), 1x7 (uma coleta por semana) e 1x14 (uma coleta a cada duas semanas), e a coleta total (coletas em 90 dias consecutivos).

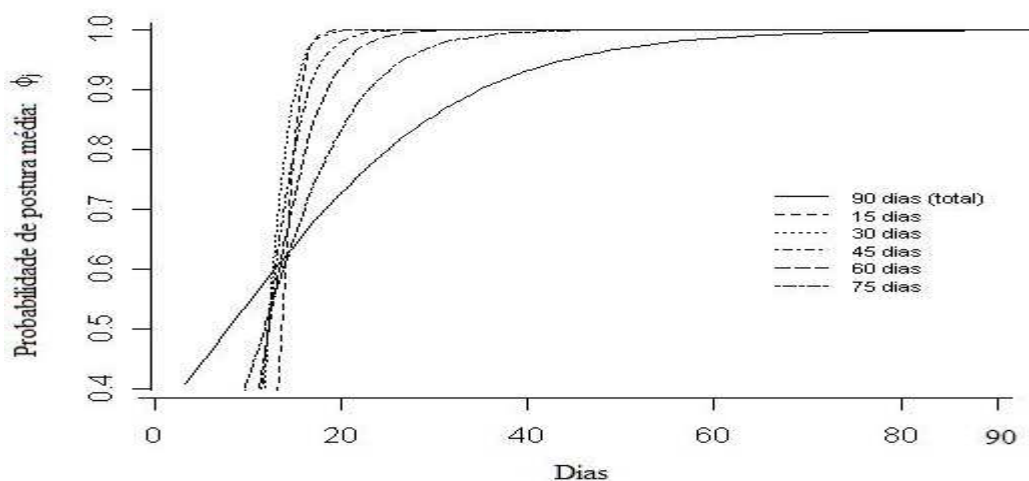


Figura 2 - Comparação gráfica entre curvas de probabilidade de postura média *a posteriori* para a produção de ovos, considerando as coletas parciais (coletas em 15, 30, 45, 60 e 75 dias consecutivos) e a coleta total (coletas em 90 dias consecutivos).

Nas Tabelas 2 e 3, são apresentadas as estimativas *a posteriori* dos componentes de (co)variâncias genéticas e das herdabilidades para os coeficientes da curva de probabilidade de postura, respectivamente, para as coletas sistemáticas, parciais e total em análises bi-características. Os valores das herdabilidades, para os dois parâmetros da curva de postura, que representam, respectivamente, o início da postura ( $\alpha$ ), foram 0,54, 0,26, 0,31 e para evolução da postura ( $\beta$ ), foram 0,38; 0,42 e 0,45 nas coletas sistemáticas (1x14, 1x7 e 2x7, respectivamente). Analogamente, considerando as coletas parciais e total, para  $\alpha$  foram 0,03, 0,02, 0,03, 0,06, 0,12 e 0,18 e, para  $\beta$  foram 0,24, 0,34, 0,35, 0,35, 0,42 e 0,50 (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias, respectivamente). Como era esperado, nas amostras parciais, à medida que o tamanho amostral aumenta, os valores da herdabilidade tenderam a se aproximar do valor referência, isto é, da amostra total. Entretanto, isto não ocorreu com as amostras sistemáticas.

Tabela 2 - Estimativas *a posteriori* dos parâmetros de (co)variâncias genéticas ( $\sigma_a^2$  e  $\sigma_{a\alpha\beta}$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) para os coeficientes da curva de postura para as diferentes coletas amostrais sistemáticas, em análises bi-características

Parâmetros	Média	DP <sup>1</sup>	Mediana	p <sub>2,5%</sub>	p <sub>97,5%</sub>	RAD <sub>inf</sub>	RAD <sub>sup</sub>
Coletas 1x14							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,00704	0,00072	0,00700	0,00575	0,00859	0,00565	0,00845
$\sigma_{a\beta}^2$	0,04210	0,00931	0,04106	0,02699	0,06334	0,02528	0,06069
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,00371	0,00145	0,00367	0,00097	0,00671	0,00086	0,00658
$h_{\alpha}^2$	0,53708	0,02908	0,53716	0,47962	0,59373	0,48006	0,59395
$h_{\beta}^2$	0,37550	0,07025	0,37073	0,25284	0,52631	0,24528	0,51536
Coletas 1x7							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,11581	0,03853	0,10997	0,05797	0,20670	0,04955	0,19197
$\sigma_{a\beta}^2$	0,03749	0,00684	0,03687	0,02588	0,05249	0,02496	0,05117
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,01105	0,01076	0,01148	-0,0117	0,0312	-0,0105	0,03217
$h_{\alpha}^2$	0,26008	0,07929	0,25024	0,13360	0,44114	0,12182	0,42122
$h_{\beta}^2$	0,42329	0,06232	0,42057	0,30836	0,55246	0,30698	0,55014
Coletas 2x7							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,29330	0,11824	0,27616	0,11531	0,57255	0,09317	0,52751
$\sigma_{a\beta}^2$	0,02150	0,00327	0,02124	0,01588	0,02863	0,01545	0,02805
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,0024	0,01218	-0,00117	-0,0297	0,01842	-0,0277	0,01987
$h_{\alpha}^2$	0,30788	0,11194	0,29603	0,12560	0,56045	0,10645	0,52852
$h_{\beta}^2$	0,45323	0,05217	0,45211	0,35474	0,55899	0,35310	0,55663

<sup>1</sup>Coleta nxk: n coletas a cada k dias; DP: desvio-padrão; p<sub>2,5%</sub> e p<sub>97,5%</sub>: limites dos percentis do intervalo de 95% de credibilidade; RAD<sub>inf</sub> e RAD<sub>sup</sub>: limites inferior e superior das regiões de alta densidade.

Tabela 3 - Estimativas *a posteriori* dos parâmetros de (co)variâncias genéticas ( $\sigma_a^2$  e  $\sigma_{a\alpha\beta}$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) para os coeficientes da curva de probabilidade de postura para as diferentes coletas amostrais parciais, em análises bi-características

Parâmetros	Média	DP <sup>1</sup>	Mediana	p <sub>2,5%</sub>	p <sub>97,5%</sub>	RAD <sub>inf</sub>	RAD <sub>sup</sub>
Coletas até 15 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,92196	0,97833	0,60027	0,13593	3,67900	0,06747	2,84348
$\sigma_{a\beta}^2$	0,37288	0,16304	0,34703	0,13528	0,76038	0,10502	0,69494
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,30655	0,26642	0,26148	-0,09676	0,96025	-0,15415	0,88019
$h_\alpha^2$	0,02932	0,03059	0,01912	0,00426	0,11615	0,00204	0,09025
$h_\beta^2$	0,24164	0,09713	0,22925	0,09053	0,46465	0,07191	0,43033
Coletas até 30 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,40412	0,36816	0,29193	0,09261	1,40467	0,05551	1,09161
$\sigma_{a\beta}^2$	0,09198	0,02334	0,08944	0,05392	0,14406	0,05055	0,13909
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,05038	0,05192	0,04806	-0,05025	0,15988	-0,04973	0,16029
$h_\alpha^2$	0,01902	0,01716	0,01379	0,00434	0,06620	0,00239	0,05097
$h_\beta^2$	0,33726	0,07451	0,33505	0,20623	0,49590	0,19902	0,48569
Coletas até 45 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,36166	0,31533	0,26459	0,08402	1,22598	0,05271	0,97228
$\sigma_{a\beta}^2$	0,04758	0,00932	0,04676	0,03171	0,06805	0,03014	0,06594
$\sigma_{a\alpha\beta}$	0,01249	0,02869	0,01511	-0,05378	0,06151	-0,04665	0,06666
$h_\alpha^2$	0,03074	0,02645	0,02252	0,00708	0,10421	0,00395	0,08230
$h_\beta^2$	0,34642	0,05848	0,34347	0,23995	0,46825	0,23389	0,46058
Coletas até 60 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,46333	0,40352	0,33260	0,08729	1,59026	0,04960	1,27438
$\sigma_{a\beta}^2$	0,02876	0,00475	0,02837	0,02065	0,03915	0,02000	0,03819
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,00113	0,02400	0,00351	-0,06248	0,03266	-0,05106	0,03898
$h_\alpha^2$	0,05805	0,04958	0,04198	0,01087	0,19596	0,00604	0,15910
$h_\beta^2$	0,34952	0,04910	0,34700	0,26017	0,45281	0,25432	0,44609
Coletas até 75 dias							
$\sigma_{a\alpha}^2$	0,51047	0,35614	0,41878	0,09975	1,43008	0,05603	1,21536
$\sigma_{a\beta}^2$	0,01570	0,00211	0,01553	0,01205	0,02030	0,01186	0,02003
$\sigma_{a\alpha\beta}$	-0,01056	0,01713	-0,00668	-0,05380	0,01210	-0,04628	0,01558
$h_\alpha^2$	0,11746	0,07929	0,09769	0,02290	0,31841	0,01418	0,27590
$h_\beta^2$	0,41811	0,04418	0,41640	0,33640	0,50883	0,33250	0,50492

Coletas até 90 dias (total)							
$\sigma_{a_\alpha}^2$	0,40967	0,22918	0,36396	0,10492	0,97301	0,07158	0,86266
$\sigma_{a_\beta}^2$	0,00892	0,00098	0,00885	0,00718	0,01104	0,00704	0,01085
$\sigma_{a_{\alpha\beta}}$	-0,00544	0,00799	-0,00405	-0,02465	0,00619	-0,02184	0,00781
$h_\alpha^2$	0,18211	0,09640	0,16501	0,04741	0,41304	0,03074	0,36901
$h_\beta^2$	0,49856	0,03477	0,49839	0,43136	0,56686	0,43145	0,56690

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

Nas Tabelas 4 e 5, respectivamente, em análises octa-características e dode-características, são apresentados os valores das herdabilidades, para os dois parâmetros da curva de postura, que representam, o início da postura ( $\alpha$ ) e a evolução da postura ( $\beta$ ).

Nas coletas sistemáticas (1x14, 1x7 e 2x7) as estimativas de herdabilidade (Tabela 4) para  $\alpha$  foram 0,54, 0,14 e 0,12; para  $\beta$  foram 0,36, 0,37 e 0,41; e, para o período total, a herdabilidade para  $\alpha$  foi de 0,07 e para  $\beta$  foi de 0,47. Nas coletas parciais (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias) as estimativas da herdabilidade (Tabela 5) para  $\alpha$  foram 0,04, 0,03, 0,06, 0,12, 0,17 e 0,25; para  $\beta$  foram 0,25; 0,25, 0,33, 0,33, 0,32, 0,41 e 0,51. Verificou-se nas coletas sistemáticas que, enquanto os valores de herdabilidade para o primeiro parâmetro decrescem o outro cresce à medida que a quantidade amostral aumenta, no entanto, nas coletas parciais, os valores crescem para ambos os parâmetros, isto é, à medida que a informação aumenta, a variância residual aumenta proporcionalmente mais do que a variância genética.

Santos et al. (2003), trabalhando com codornas de postura, considerando análises bi-características, observaram a característica “produção de ovos” em períodos de coletas parciais e total, respectivamente, 28, 56, 84, 112, 140, 164 e 196 dias de postura, e obtiveram estimativas de herdabilidade, respectivamente, de 0,19, 0,22, 0,16, 0,17, 0,16, 0,16 e 0,16. Observaram aumentos nas estimativas de covariância e correlação genética à medida que as produções parciais se aproximam da total. Os

valores indicaram maior ganho genético indireto através da seleção por meio da produção parcial até 164 dias. Todavia, o período encontrado como o mais eficiente no controle de produção de ovos para a obtenção de maior progresso genético por unidade de tempo foi o período de produção parcial até 56 dias, em função da redução do intervalo entre gerações.

Não foram observadas grandes diferenças entre as herdabilidades obtidas em análises individuais (bi-características) e conjuntas (octa-características e dode-características), com exceção da sub-amostra 1x7, 2x7 e na amostra total, considerando o parâmetro que representa o início da postura ( $\alpha$ ). Neste caso as estimativas obtidas em uma análise em conjunto deve ser escolhida por incorporar maior número de informação, e conseqüentemente ter maior precisão, do que uma análise individual.

Considerando individualmente os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , observa-se que as estimativas das correlações fenotípicas obtidas entre as características analisadas foram positivas (Tabela 4 e 5). Uma correlação genética positiva entre duas características indica que os genes possuem um efeito positivo e isso afetará positivamente o outro (Milne Jr., 1985).

Considerando as amostras sistemáticas, observou-se que para o parâmetro  $\alpha$ , tanto as correlações genéticas quanto as fenotípicas não apresentam tendências fixas em suas magnitudes (Tabela 4), entretanto as correlações fenotípicas são decrescentes considerando amostras parciais (Tabela 5). Para o parâmetro  $\beta$ , as correlações genéticas e fenotípicas são sempre decrescentes (Tabelas 4 e 5).

Observou-se magnitudes ligeiramente superiores às correlações genéticas nas amostras parciais e total (Tabela 4), entretanto, isto não ocorre nas amostras sistemáticas e total considerando o parâmetro  $\alpha$  (Tabela 5) e considerando o parâmetro

$\beta$ , em todas análises (Tabelas 4 e 5), em geral as correlações genéticas são inferiores às fenotípicas.

Em geral as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas, aumentam à medida que o tamanho amostral aumenta (amostras sistemáticas e parciais), além de que a eficiência da seleção indireta é sempre menor que a seleção direta (90 dias), isto é, a obtenção de ganhos no período total por meio da seleção em períodos parciais é sempre menor que o ganho obtido se a seleção for realizada no período total. Tal fato se explica porque não se consegue reduzir adequadamente o intervalo de geração. No presente trabalho a postura foi controlada até 90 dias do ciclo total de postura cujo período produtivo gira em torno de 9 a 12 meses, portanto este período de observação já configura uma amostragem reduzida. As inferências além do período de 90 dias devem ser vistas com reserva. Para o período total de produção possivelmente o modelo ajustado incluiria um termo quadrático, visto que a produção entra em declínio após certo tempo. A inclusão de mais um parâmetro provavelmente alteraria as estimativas dos componentes de (co)variâncias.

Tabela 4 - Médias *a posteriori* da herdabilidade (na diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e correlação fenotípica (abaixo da diagonal) para os parâmetros das curvas de probabilidade de postura, nas coletas amostrais sistemáticas e total

Coleta	Parâmetros	Coleta							
		1x14		1x7		2x7		90 dias (total)	
		$\alpha_1$	$\beta_1$	$\alpha_2$	$\beta_2$	$\alpha_3$	$\beta_3$	$\alpha_4$	$\beta_4$
1x14	$\alpha_1$	<b>0,54</b>	0,22	0,14	0,24	0,06	0,19	0,09	0,28
	$\beta_1$	0,18	<b>0,36</b>	0,26	0,49	0,34	0,46	0,32	0,32
1x7	$\alpha_2$	0,09	0,16	<b>0,14</b>	0,15	0,52	0,25	0,45	0,18
	$\beta_2$	0,20	0,52	-0,14	<b>0,37</b>	0,18	0,50	0,26	0,27
2x7	$\alpha_3$	0,05	0,25	0,68	0,14	<b>0,12</b>	0,11	0,68	0,10
	$\beta_3$	0,16	0,49	-0,03	0,46	-0,19	<b>0,41</b>	0,11	0,28
90 dias	$\alpha_4$	0,05	0,23	0,74	0,07	0,89	-0,17	<b>0,07</b>	0,06
	$\beta_4$	0,26	0,28	-0,12	0,28	-0,18	0,35	-0,25	<b>0,47</b>

Tabela 5 - Médias *a posteriori* da herdabilidade (na diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e correlação fenotípica (abaixo da diagonal) para os parâmetros das curvas de probabilidade de postura, nas coletas parciais e total

Coleta	Parâmetros	Coleta (dias)											
		15		30		45		60		75		90 (total)	
		$\alpha_1$	$\beta_1$	$\alpha_2$	$\beta_2$	$\alpha_3$	$\beta_3$	$\alpha_4$	$\beta_4$	$\alpha_5$	$\beta_5$	$\alpha_6$	$\beta_6$
15	$\alpha_1$	<b>0,04</b>	0,37	0,30	0,34	0,02	0,37	0,18	0,26	0,27	0,14	0,40	0,02
	$\beta_1$	-0,14	<b>0,25</b>	0,36	0,67	0,42	0,52	0,54	0,35	0,59	0,19	0,68	0,04
30	$\alpha_2$	0,63	0,24	<b>0,03</b>	0,08	0,15	0,24	0,12	0,22	0,14	0,14	0,24	0,03
	$\beta_2$	-0,19	0,52	-0,39	<b>0,33</b>	0,35	0,63	0,47	0,45	0,53	0,25	0,60	0,06
45	$\alpha_3$	0,50	0,29	0,81	-0,21	<b>0,06</b>	-0,003	0,66	-0,03	0,63	-0,09	0,43	-0,03
	$\beta_3$	-0,12	0,38	-0,28	0,67	-0,43	<b>0,33</b>	0,22	0,58	0,28	0,38	0,43	0,16
60	$\alpha_4$	0,43	0,38	0,70	-0,05	0,85	-0,25	<b>0,12</b>	-0,13	0,72	-0,05	0,56	-0,03
	$\beta_4$	-0,09	0,26	-0,24	0,51	-0,38	0,67	-0,46	<b>0,32</b>	0,10	0,50	0,27	0,27
75	$\alpha_5$	0,36	0,48	0,53	0,19	0,65	0,00	0,81	-0,20	<b>0,17</b>	-0,12	0,75	-0,05
	$\beta_5$	-0,05	0,12	-0,13	0,26	-0,23	0,40	-0,31	0,57	-0,37	<b>0,41</b>	0,11	0,42
90	$\alpha_6$	0,35	0,60	0,43	0,38	0,50	0,23	0,62	0,08	0,82	-0,09	<b>0,25</b>	-0,06
	$\beta_6$	-0,06	0,01	-0,08	0,07	-0,11	0,99	-0,14	0,28	-0,18	0,44	-0,18	<b>0,51</b>

Na Tabela 6, são apresentadas as correlações não-paramétricas entre os escores das aves obtidos por meio das coletas sistemáticas, parciais e total (referência). Fica evidente que a correlação,  $r_{(s,total)}$ , entre os escores dos animais selecionados é baixa tanto para as coletas sistemáticas (1x14, 1x7 e 2x7), sendo de: -0,036, -0,012 e 0,069, quanto para as coletas parciais (até 15, 30, 45, 60, 75 e 90 dias), sendo de: 0,014, 0,063, -0,018, 0,058 e 0,048. Estes resultados indicam que o índice de seleção utilizado foi afetado. Isto é confirmado com os valores das taxas de coincidências ( $C$ ) entre 0% e 3%, considerando os 100 melhores animais (Tabela 6), indicando que comprometeu a classificação dos animais e, portanto, o processo de coleta sistemática ou parcial não deve ser utilizado, pois aves selecionadas usando sub-amostragens, não serão necessariamente as mesmas daquelas usando amostra total.



Tabela 6 – Correlações não-paramétricas de Spearman,  $r_{(s,total)}$ , e taxas de coincidências ( $C\%$ ) entre índices de seleção obtidas nas coletas sistemáticas, parciais e a total dos 100 melhores animais classificados

	Sistemática				Parcial (dias)			
	1x14	1x7	2x7	15	30	45	60	75
$r_{(s,total)}$	-0,036	-0,012	0,069	0,014	0,063	-0,018	0,058	0,048
$C$	1%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	2%

### Conclusões

O processo de coleta sistemática ou parcial provocou, *a posteriori*, superestimação dos parâmetros da curva média de probabilidade de postura de ovos em codornas nas linhagens analisadas e alteração nas estimativas dos parâmetros genéticos, ocasionando índices de seleção equivocados e, conseqüentemente, diferentes classificações no animal.

### Agradecimentos

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

### Literatura Citada

- BARWICK, S. Introducing economics to modern animal breeding. In: HAMMOND, K.; GRASER, H-U.; Mc DONALD, C. A. **Animal breeding: the modern approach**. Sydney: Post Graduate Foundation in Veterinary Science, 1992. p.121-140.
- BOUKILA, B. et al. Selection for increased egg production based on annual record in three strains of white leghorns. Comparison of different partial records to improve annual egg production. **Poultry science**, v.66, p.1077-1084, 1987.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). In: **Bayesian Statistics**, 4.,. Oxford University Press, Oxford, 1992, p.169-193.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-1144, 1983.
- LEVY, P. S.; LEMESHOW, S. **Sampling of populations – methods and applications**. 2ª Ed., New York: John Wiley and Sons, 1991, 420p.
- MARTINS, E. N. **Comportamento de três linhagens de poedeiras legorne em cruzamentos dialélicos**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1982. 120p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1982.

- MARTINS, E.N. Prospects of quail genetic breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON QUAIL PRODUCTION, I., 2002, Lavras. **Proceeding...** Lavras: NECTA-DZO-Universidade Federal de Lavras, 2002a. p.205-208.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variâncias. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39., Recife. **Proceeding...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002b, p.205-214.
- MILNE Jr., C.P. Estimates of heritability of and genetic correlation between two components of honey bee (Hymenoptera: Apidae) hygienic behavior: uncapping and removing. **Annals of the Entomological Society of America**, n.78, p.841-844, 1985.
- NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient Requirements of Poultry**. Washington, D.C., National Academy Press, 9th revised edition, 1994. 155p.
- PAULA, M.C. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente para produção de leite em bovinos da raça holandesa no estado do Paraná**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006, 84p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, 2006.
- R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em <<http://www.R-project.org>>, 2007.
- RESENDE, M.D.V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- SANTOS, A.I.; MARTINS, E.N.; RESENDE, R.O. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de ovos em codornas japonesas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Statistics for Biology and Health**. New York: Springer-Verlag, 2002.
- SPEARMAN, C. General intelligence: Objectively determined and measured. **American Journal of psychology**, v.15, p.201-293, 1904.
- SPIEGELHALTER, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N. et al. **BUGS - Bayesian Inference using Gibbs Sampling**. MRC Biostatistics Unit, Cambridge, 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 components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WEIGEL, K. A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.

## VI. CONCLUSÕES GERAIS

O uso da metodologia Bayesiana pode ser utilizada como alternativa para modelar a produção diária de ovos de codornas, além de propiciar vantagens adicionais em estudos futuros, nos quais o uso de informações *a priori*, baseadas nos resultados do presente trabalho, podem produzir resultados ainda mais condizentes com a realidade biológica, explicando melhor os fenômenos naturais;

O modelo de efeitos aleatórios com função de ligação logística mostrou-se adequado para ajustar a curva de probabilidade de postura diária;

Nas análises das estimativas dos componentes de (co)variância dos parâmetros genéticos, considerando como características os parâmetros da curva de probabilidade de postura, não foram observadas diferenças significativas para as estimativas de herdabilidade entre os níveis de energia dentro de cada linhagem analisada;

Foram encontradas evidências de interação genótipo x ambiente para a produção de ovos e ,portanto a seleção para os parâmetros da curva de produção no ambiente de alta energia resultará em menor ganho genético, isto se os animais forem criados no ambiente de menor energia ao invés do ambiente de alta energia;

A forma de coleta dos dados, sistemática ou por períodos inferiores ao período total, influenciou o índice de seleção, de tal forma que as melhores aves selecionadas, baseada na produção total, não são as mesmas que na coleta sistemática ou parcial.

## **APÊNDICES**

## APÊNDICE A

### Normas para preparação de trabalhos científicos para publicação na Revista Brasileira de Zootecnia

A fim de prestigiar a comunidade científica nacional, é importante que os autores citem mais artigos disponíveis na literatura brasileira.

#### Instruções gerais

A RBZ publica artigos científicos originais nas áreas de Aqüicultura, Forragicultura, Melhoramento, Genética e Reprodução, Monogástricos, Produção Animal, Ruminantes, e Sistemas de Produção e Agronegócio.

O envio dos manuscritos é feito exclusivamente pela *home page* da RBZ (<http://www.sbz.org.br>), link Revista, juntamente com a carta de encaminhamento, conforme instruções no link "Envie seu manuscrito".

O texto deve ser elaborado segundo as normas da RBZ e orientações disponíveis no link "Instruções aos autores".

O pagamento da taxa de tramitação (pré-requisito para emissão do número de protocolo), deverá ser realizado por meio de boleto bancário, disponível na *home page* da SBZ (<http://www.sbz.org.br>).

Uma vez aprovado o artigo, será cobrada uma taxa de publicação. Serão cobrados ainda, por página excedente. Entretanto, se entre os autores (exceto co-autores que não militam na área zootécnica, desde que não sejam o primeiro autor) houver algum não associado, serão cobrados valores diferenciados (consultar link "Instruções aos autores").

No processo de publicação, os artigos técnico-científicos são avaliados por revisores *ad hoc* indicados pelo Conselho Científico, composto por especialistas com doutorado nas diferentes áreas de interesse e coordenados pela Comissão Editorial da RBZ. A política editorial da RBZ consiste em manter o alto padrão científico das publicações, por intermédio de colaboradores de renomada conduta ética e elevado nível técnico. O Editor Chefe e o Conselho Científico, em casos especiais, têm autonomia para decidir sobre a publicação do artigo.

**Língua:** português ou inglês

#### Formatação de texto

O texto deve ser digitado em fonte Times New Roman 12, espaço duplo (exceto Resumo, Abstract e Tabelas, que devem ser elaborados em espaço 1,5), margens superior, inferior, esquerda e direita de 2,5; 2,5; 3,5; e 2,5 cm, respectivamente.

O manuscrito pode conter até 25 páginas, numeradas seqüencialmente em algarismos arábicos.

As páginas devem apresentar linhas numeradas (a numeração é feita da seguinte forma: MENU ARQUIVO/ CONFIGURAR PÁGINA/LAYOUT/ NÚMEROS DE LINHA.../NUMERAR LINHAS), com paginação contínua e centralizada no rodapé.

#### Estrutura do artigo

O artigo deve ser dividido em seções com cabeçalho centralizado, em negrito, na seguinte ordem: Resumo, Abstract, Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão, Conclusões, Agradecimento e Literatura Citada.

Não são aceitos cabeçalhos de terceira ordem.

Os parágrafos devem iniciar a 1,0 cm da margem esquerda.

#### Título

Deve ser preciso e informativo. Quinze palavras são o ideal e 25, o máximo. Digitá-lo em negrito e centralizado, segundo o exemplo: Valor nutritivo da cana-de-açúcar para bovinos em crescimento. Deve apresentar a chamada "1" somente no caso de a pesquisa ter sido financiada. Não citar "parte da tese ...."

#### Autores

Deve-se listar até **seis autores**. A primeira letra de cada nome/sobrenome deve ser maiúscula (Ex.: Anacleto José Benevenuto). Não listá-los apenas com as iniciais e o último sobrenome (Ex.: A.J. Benevenuto).

Outras pessoas que auxiliaram na condução do experimento e/ou preparação/avaliação do manuscrito devem ser mencionadas em **Agradecimento**. Digitar o nome dos autores separados por vírgula, centralizado e em negrito, com chamadas de rodapé numeradas e em sobrescrito, indicando apenas a instituição e/ou endereço profissional dos autores. Não citar o vínculo empregatício, a profissão e a titulação dos autores. Informar o endereço eletrônico somente do responsável pelo artigo.

No **ato da publicação**, todos os autores devem estar em dia com a anuidade da SBZ do ano corrente. Se entre os autores houver algum não associado, exceto co-autores que não militam na área zootécnica, como estatísticos, químicos, entre outros (desde que não sejam o primeiro autor), serão cobrados valores diferenciados.

#### Resumo

Deve conter no máximo 1.800 caracteres com espaço. As informações do resumo devem ser precisas e informativas. Resumos extensos serão devolvidos para adequação às normas.

Deve sumarizar objetivos, material e métodos, resultados e conclusões. Não deve conter introdução. Referências nunca devem ser citadas no resumo.

O texto deve ser justificado e digitado em parágrafo único e espaço 1,5, começando por RESUMO, iniciado a 1,0 cm da margem esquerda.

## Abstract

Deve aparecer obrigatoriamente na segunda página e ser redigido em inglês científico, evitando-se traduções de aplicativos comerciais.

O texto deve ser justificado e digitado em espaço 1,5, começando por ABSTRACT, em parágrafo único, iniciado a 1,0 cm da margem esquerda.

## Palavras-chave e Key Words

Apresentar até seis (6) palavras-chave e Key Words imediatamente após o RESUMO e ABSTRACT, respectivamente, em ordem alfabética. Devem ser elaboradas de modo que o trabalho seja rapidamente resgatado nas pesquisas bibliográficas. Não podem ser retiradas do título do artigo. Digitá-las em letras minúsculas, com alinhamento justificado e separado por vírgulas. Não devem conter ponto final.

## Introdução

Deve conter no máximo 2.500 caracteres com espaço.

Deve-se evitar a citação de várias referências para o mesmo assunto.

Trabalhos com introdução extensa serão devolvidos para adequação às normas.

## Material e Métodos

Descrição clara e com referência específica original para todos os procedimentos biológicos, analíticos e estatísticos. Todas as modificações de procedimentos devem ser explicadas.

## Resultados e Discussão

Os resultados devem ser combinados com discussão. Dados suficientes, todos com algum índice de variação incluso, devem ser apresentados para permitir ao leitor a interpretação dos resultados do experimento. A discussão deve interpretar clara e concisamente os resultados e integrar resultados de literatura com os da pesquisa para proporcionar ao leitor uma base ampla na qual possa aceitar ou rejeitar as hipóteses testadas.

Evitar parágrafos soltos e citações pouco relacionadas ao assunto.

## Conclusões

Devem ser redigidas em parágrafo único e conter no máximo 1.000 caracteres com espaço.

Não devem ser repetição de resultados. Devem ser dirigidas aos leitores que não são necessariamente profissionais ligados à ciência animal. Devem explicar claramente, sem abreviações, acrônimos ou citações, o que os resultados da pesquisa concluem para a ciência animal.

## Agradecimento

Deve iniciar logo após as Conclusões.

## Abreviaturas, símbolos e unidades

Abreviaturas, símbolos e unidades devem ser listados conforme indicado na *home page* da RBZ, link "Instruções aos autores".

- Usar **36%**, e não 36 % (sem espaço entre o no e %)
- Usar **88 kg**, e não 88Kg (com espaço entre o no e kg, que deve vir em minúsculo)
- Usar **136,22**, e não 136.22 (usar vírgula, e não ponto)
- Usar **42 mL**, e não 42 ml (litro deve vir em L maiúsculo, conforme padronização internacional)
- Usar **25°C**, e não 25 oC (sem espaço entre o no e oC)
- Usar **(P<0,05)**, e não (P < 0,05) (sem espaço antes e depois do <)
- Usar **521,79 ± 217,58**, e não 521,79±217,58 (com espaço antes e depois do ±)
- Usar **r2 = 0,95**, e não r2=0,95 (com espaço antes e depois do =)
- Usar asterisco nas tabelas apenas para probabilidade de P: (\*P<0,05; \*\*P<0,01; \*\*\*P<0,001)

Deve-se evitar o uso de abreviações não consagradas e de acrônimos, como por exemplo: "o T3 foi maior que o T4, que não diferiu do T5 e do T6". Este tipo de redação é muito cômoda para o autor, mas é de difícil compreensão para o leitor.

## Tabelas e Figuras

É imprescindível que todas as tabelas sejam digitadas segundo menu do Word "Inserir Tabela", em células distintas (não serão aceitas tabelas com valores separados pelo recurso ENTER ou coladas como figura). Tabelas e figuras enviadas fora de normas serão devolvidas para adequação.

Devem ser numeradas seqüencialmente em algarismos arábicos e apresentadas logo após a chamada no texto.

O título das tabelas e figuras deve ser curto e informativo, devendo-se adotar as abreviaturas divulgadas oficialmente pela RBZ.

A legenda das Figuras (chave das convenções adotadas) deve ser incluída no corpo da figura. Nos gráficos, as designações das variáveis dos eixos X e Y devem ter iniciais maiúsculas e unidades entre parênteses.

Figuras não-originais devem conter, após o título, a fonte de onde foram extraídas, que deve ser referenciada.

As unidades, a fonte (Times New Roman) e o corpo das letras em todas as figuras devem ser padronizados.

Os pontos das curvas devem ser representados por marcadores contrastantes, como círculo, quadrado, triângulo ou losango (cheios ou vazios).

As curvas devem ser identificadas na própria figura, evitando o excesso de informações que comprometa o entendimento do gráfico.

As figuras devem ser gravadas no programa Word, Excel ou Corel Draw (extensão CDR), para possibilitar a edição e possíveis correções.

Usar linhas com, no mínimo, 3/4 ponto de espessura.

No caso de gráfico de barras, usar diferentes efeitos de preenchimento (linhas horizontais, verticais, diagonais,

pontinhos etc). Evite os padrões de cinza porque eles dificultam a visualização quando impressos.

As figuras deverão ser exclusivamente monocromáticas.

Não usar negrito nas figuras.

Os números decimais apresentados no interior das tabelas e figuras devem conter vírgula, e não ponto.

### Citações no texto

As citações de autores no texto são em letras minúsculas, seguidas do ano de publicação. Quando houver dois autores, usar & (e comercial) e, no caso de três ou mais autores, citar apenas o sobrenome do primeiro, seguido de et al.

### Comunicação pessoal (ABNT-NBR 10520).

Não fazem parte da lista de referências, sendo colocadas apenas em nota de rodapé. Coloca-se o sobrenome do autor seguido da expressão "comunicação pessoal", a data da comunicação, o nome, estado e país da Instituição à qual o autor é vinculado.

### Literatura Citada

Baseia-se na Associação Brasileira de Normas Técnicas – ABNT (NBR 6023).

Devem ser redigidas em página separada e ordenadas alfabeticamente pelo(s) sobrenome(s) do(s) autor(es).

Digitá-las em espaço simples, alinhamento justificado e recuo até a terceira letra a partir da segunda linha da referência. Para formatá-las, siga as seguintes instruções:

No menu FORMATAR, escolha a opção PARÁGRAFO... RECUO ESPECIAL, opção DESLOCAMENTO... 0,6 cm.

Em obras com dois e três autores, mencionam-se os autores separados por ponto-e-vírgula e, naquelas com mais de três autores, os três primeiros vêm seguidos de et al. As iniciais dos autores não podem conter espaços. O termo et al. não deve ser italizado nem precedido de vírgula.

O recurso tipográfico utilizado para destacar o elemento título será negrito e, para os nomes científicos, itálico.

Indica(m)-se o(s) autor(es) com entrada pelo último sobrenome seguido do(s) prenome(s) abreviado (s), exceto para nomes de origem espanhola, em que entram os dois últimos sobrenomes.

No caso de homônimos de cidades, acrescenta-se o nome do estado (ex.: Viçosa, MG; Viçosa, AL; Viçosa, RJ).

### Obras de responsabilidade de uma entidade coletiva

A entidade é tida como autora e deve ser escrita por extenso, acompanhada por sua respectiva abreviatura. No texto, é citada somente a abreviatura correspondente. Quando a editora é a mesma instituição responsável pela autoria e já tiver sido mencionada, não é indicada.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTRY - AOAC. **Official methods of analysis**. 16.ed. Arlington: AOAC International, 1995. 1025p.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA - UFV. **Sistema de análises estatísticas e genéticas - SAEG**. Versão 8.0. Viçosa, MG, 2000. 142p.

### Livros e capítulos de livro

Os elementos essenciais são: autor(es), título e subtítulo (se houver), seguidos da expressão "In:", e da referência completa como um todo. No final da referência, deve-se informar a paginação.

Quando a editora não é identificada, deve-se indicar a expressão *sine nomine*, abreviada, entre colchetes [s.n.].

Quando o editor e local não puderem ser indicados na publicação, utilizam-se ambas as expressões, abreviadas, e entre colchetes [S.I.: s.n.].

LINDHAL, I.L. Nutrición y alimentación de las cabras. In: CHURCH, D.C. (Ed.) **Fisiologia digestiva y nutrición de los ruminantes**. 3.ed. Zaragoza: Acríbia, 1974. p.425-434.

NEWMANN, A.L.; SNAPP, R.R. **Beef cattle**. 7.ed. New York: John Wiley, 1997. 883p.

### Teses e dissertações

Deve-se evitar a citação de teses, procurando referenciar sempre os artigos publicados na íntegra em periódicos indexados. Entretanto, caso os artigos ainda não tenham sido publicados, devem-se citar os seguintes elementos: autor, título, local, universidade, ano, página e área de concentração.

CASTRO, F.B. **Avaliação do processo de digestão do bagaço de cana-de-açúcar auto-hidrolisado em bovinos**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1989. 123p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1989.

### Boletins e relatórios

BOWMAN, V.A. **Palatability of animal, vegetable and blended fats by equine**. (S.L.): Virgínia Polytechnic Institute and State University, 1979. p.133-141 (Research division report, 175).

### Artigos

O nome do periódico deve ser escrito por extenso. Com vistas à padronização deste tipo de referência, não é necessário citar o local; somente volume, número, intervalo de páginas e ano.

RESTLE, J.; VAZ, R.Z.; ALVES FILHO, D.C. et al. Desempenho de vacas Charolês e Nelore desterнейradas aos três ou sete meses. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.499-507, 2001.

### Congressos, reuniões, seminários etc

Citar o mínimo de trabalhos publicados em forma de resumo, procurando sempre referenciar os artigos publicados na íntegra em periódicos indexados.

CASACCIA, J.L.; PIRES, C.C.; RESTLE, J. Confinamento de bovinos inteiros ou castrados de diferentes grupos genéticos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 30., 1993, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1993. p.468.

EUCLIDES, V.P.B.; MACEDO, M.C.M.; OLIVEIRA, M.P. Avaliação de cultivares de *Panicum maximum* em pastejo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Zootecnia/Gmosis, [1999] (CD-ROM).

### Artigo e/ou matéria em meios eletrônicos

Na citação de material bibliográfico obtido via internet, o autor deve procurar sempre usar artigos assinados, sendo também sua função decidir quais fontes têm realmente credibilidade e confiabilidade.

Quando se tratar de obras consultadas *on-line*, são essenciais as informações sobre o endereço eletrônico, apresentado entre os sinais < >, precedido da expressão "Disponível em:" e a data de acesso do documento, precedida da expressão "Acesso em:".

NGUYEN, T.H.N.; NGUYEN, V.H.; NGUYEN, T.N. et al. [2003]. Effect of drenching with cooking oil on performance of local yellow cattle fed rice straw and cassava foliage. **Livestock Research for Rural Development**, v.15, n.7, 2003. Disponível em: <<http://www.cipav.org.co/rrd/lrrd15/7/nhan157.htm>> Acesso em: 28/07/2005.

REBOLLAR, P.G.; BLAS, C. [2002]. **Digestión de la soja integral en rumiantes**. Disponível em: <[http://www.ussoymeal.org/ruminant\\_s.pdf](http://www.ussoymeal.org/ruminant_s.pdf)> Acesso em: 12/10/02.

SILVA, R.N.; OLIVEIRA, R. [1996]. Os limites pedagógicos do paradigma da qualidade total na educação. In: CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFPE, 4., 1996, Recife. **Anais eletrônicos...** Recife: Universidade Federal do Pernambuco, 1996. Disponível em: <<http://www.propesq.ufpe.br/anais/anais.htm>> Acesso em: 21/01/97.



## APÊNDICE B

### Linhas de comando em linguagem R, utilizados no artigo 1

```
# ANOVA para PT: Produção Total
# Modelo Bayesiano *.bug
model;
{
  for( i in 1 : n1 ) { y1[i] ~ dnorm(mu1,tau1) }
  for( j in 1 : n2 ) { y2[j] ~ dnorm(mu2,tau2) }
  for( k in 1 : n3 ) { y3[k] ~ dnorm(mu3,tau3) }
  mu1 ~ dnorm( 0,0.000001)
  mu2 ~ dnorm( 0, 0.000001)
  mu3 ~ dnorm( 0, 0.000001)
  tau1 ~ dgamma(0.001,0.001)
  tau2 ~ dgamma(0.001,0.001)
  tau3 ~ dgamma(0.001,0.001)
  sigma1 <- 1 / sqrt(tau1)
  sigma2 <- 1 / sqrt(tau2)
  sigma3 <- 1 / sqrt(tau3)
  delta1 <- mu1 - mu2
  delta2 <- mu1 - mu3
  delta3 <- mu2 - mu3
}

# Programa para análise de variância Bayesiana
anova.bayes = function(iter,burn,salto,amostra1,amostra2,amostra3)
{
  n1 = length(amostra1)
  n2 = length(amostra2)
  n3 = length(amostra3)
  # modelo
  modelo = "modelo.bug"
  dados = list(n1=n1,n2=n2,n3=n3,amostra1=amostra1,amostra2=amostra2,amostra3=amostra3)
  # chutes
  mu1 = mean(amostra1)
  mu2 = mean(amostra2)
  mu3 = mean(amostra3)
  inits = function() list(mu1=mu1, mu2=mu2, mu3=mu3, tau1=1, tau2=1, tau3=1)
  # parâmetros estimados
  parameters = c("mu1","mu2","mu3","sigma1","sigma2","sigma3","delta1","delta2","delta3")
  res = BRugsFit(modelFile=modelo, data=dados, inits,
    numChains = 1, parametersToSave=parameters, nBurnin = burn,
    nIter = iter, nThin = salto, DIC = TRUE, working.directory = NULL, digits = 5)
  curva = cbind(samplesSample("mu1"),samplesSample("mu2"),samplesSample("mu3"),
    samplesSample("sigma1"),samplesSample("sigma2"),samplesSample("sigma3"),
    samplesSample("delta1"),samplesSample("delta2"),samplesSample("delta3"))
  # análise de convergência
  print(geeweke.diag(curva))
  print(heidel.diag(curva))
  print(res)
  curva
}
# Exemplo de chamada
#rm(list = ls())
#library(MASS); library(BRugs); library(coda)
#curva=anova.bayes(iter=60000,burn=10000,salto=5,amostra1=amarela,amostra2=azul,
amostra3=vermelha)
```

### # Comparação entre as médias das Produções Totais em dois grupos

#### # Modelo Bayesiano \*.bug

```

model;
{
  for( i in 1 : n1 ) { amostra1[i] ~ dnorm(mu1,tau1) }
  for(j in 1 : n2 ) { amostra2[j] ~ dnorm(mu2,tau2) }
  mu1 ~ dnorm( 0,0.000001)
  mu2 ~ dnorm( 0,0.000001)
  tau1 ~ dgamma(0.001,0.001)
  tau2 ~ dgamma(0.001,0.001)
  sigma1 <- 1 / sqrt(tau1)
  sigma2 <- 1 / sqrt(tau2)
  delta <- mu1 - mu2
}

```

#### # Programa para comparação de médias Bayesianas

```

anova2.bayes = function(iter,burn,salto,amostra1,amostra2)
{
  n1 = length(amostra1)
  n2 = length(amostra2)
  # modelo
  modelo = "modelo2.bug"
  dados = list(n1=n1,n2=n2,amostra1=amostra1,amostra2=amostra2)
  # chutes
  mu1 = mean(amostra1)
  mu2 = mean(amostra2)
  inits = function() list(mu1=mu1, mu2=mu2, tau1=1, tau2=1)
  # parâmetros estimados
  parameters = c("mu1","mu2","sigma1","sigma2","delta")
  res = BRugsFit(modelFile=modelo, data=dados, inits,
    numChains = 1, parametersToSave=parameters, nBurnin = burn,
    nIter = iter, nThin = salto, DIC = TRUE, working.directory = NULL, digits = 5)
  curva = cbind(samplesSample("mu1"),samplesSample("mu2"),
    samplesSample("sigma1"),samplesSample("sigma2"),
    samplesSample("delta"))
  print(geweke.diag(curva))
  print(heidel.diag(curva))
  print(res)
  curva
}

```

#### # Exemplo de chamada

```

#rm(list = ls())
#library(MASS); library(BRugs); library(coda)
#curva=anova2.bayes(iter=60000,burn=10000,salto=5,amostra1=amarela1,amostra2=amarela2)

```

#### # Estimação dos parâmetros da curva de produção

##### # Modelo Bayesiano para a curva completa

```

model;
{
  for( i in 1 : n )
  {
    alpha[i] ~ dnorm( 0,tau.alpha)
    beta1[i] ~ dnorm( 0,tau.b1)
    beta2[i] ~ dnorm( 0,tau.b2)
    beta3[i] ~ dnorm( 0,tau.b3)
  }
  for( j in 1 : J )
  {
    y[i , j] ~ dbern(theta[i , j])
  }
}

```

```

    logit(theta[i , j]) <- alpha[i] + beta1[i] * x1[i] + beta2[i] * x2[i] + beta3[i] * j
  }
}
tau.alpha ~ dgamma(0.001,0.001)
sigma.alpha <- 1 / sqrt(tau.alpha)
tau.b1 ~ dgamma(0.001,0.001)
tau.b2 ~ dgamma(0.001,0.001)
tau.b3 ~ dgamma(0.001,0.001)
sigma.b1 <- 1 / sqrt(tau.b1)
sigma.b2 <- 1 / sqrt(tau.b2)
sigma.b3 <- 1 / sqrt(tau.b3)
b1m <- mean(beta1[])
b2m <- mean(beta2[])
b3m <- mean(beta3[])
am <- mean(alpha[])
}

```

### # Programa para obtenção das estimativas Bayesianas dos parâmetros da curva

```

curvaprod.bayes = function(iter, burn, salto, dados)
{
  n = length(dados[,1])          # número de animais
  J = length(dados[,6:ncol(dados)]) # número de ocasiões (postura)
  y = matrix(dados[,6:ncol(dados)], ncol=J)
  x1 = dados[,4]
  x2 = dados[,5]
  # modelo
  modelo = "modeloM3.bug"
  dados = list(n=n, J=J, y=structure(.Data = y, .Dim = c(n, J)), x1=x1, x2=x2)
  # chutes
  set.seed(12345)
  alpha0 = rnorm(n) # gerando valores iniciais - N(0,1)
  beta10 = rnorm(n)
  beta20 = rnorm(n)
  beta30 = rnorm(n)
  inits = function() list(alpha=alpha0, beta1=beta10, beta2=beta20, beta3=beta30,
    tau.alpha=1, tau.b1=1, tau.b2=1, tau.b3=1)
  # parâmetros estimados
  parameters = c("am", "b1m", "b2m", "b3m")
  res = BRugsFit(modelFile=modelo, data=dados, inits,
    numChains = 1, parametersToSave=parameters, nBurnin = burn,
    nIter = iter, nThin = salto, DIC = TRUE, working.directory = NULL,
    digits = 5)
  curva.media=cbind(samplesSample("am"), samplesSample("b1m"), samplesSample("b2m"),
    samplesSample("b3m"))
  # análise de convergência
  print(geeweke.diag(curva.media))
  print(heidel.diag(curva.media))
  print(res)
  curva.media
}

```

### # Exemplo de chamada

```

rm(list = ls())
library(MASS); library(BRugs); library(coda)
setwd("D:\\Work\\DoutoradoZOO\\Projeto\\programas\\artigo1\\amarela")
dados = read.table("dados.txt", header=T, skip=0)
dados = as.matrix(dados)
curva=curvaprod.bayes(iter=100000, burn=10000, salto=5, dados=dados)

```

**# Programa para comparação entre parâmetros das curvas médias no primeiro estágio**

```

sumario4 = function(tudo)
{
library(MASS)
cat("Comparação entre parâmetros das curvas médias no primeiro estágio", "\n")
# função para ordenar na comparação de distribuições
for (j in 1: ncol(tudo)) { tudo[,j] = sort(tudo[,j]) }
# montagem das diferenças entre os parâmetros-alfa
Delta.alfa1 = tudo[,1]-tudo[,3]
Delta.alfa2 = tudo[,1]-tudo[,5]
Delta.alfa3 = tudo[,3]-tudo[,5]
# montagem das diferenças entre os parâmetros-beta
Delta.beta1 = tudo[,2]-tudo[,4]
Delta.beta2 = tudo[,2]-tudo[,6]
Delta.beta3 = tudo[,4]-tudo[,6]
Delta = cbind(Delta.alfa1,Delta.alfa2,Delta.alfa3,Delta.beta1,Delta.beta2,Delta.beta3)
amostra = Delta
e = matrix(0,ncol(amostra),5)
for (k in 1:(ncol(amostra)))
{
e[k,1] = mean(amostra[,k])
e[k,2] = sd(amostra[,k])
e[k,3] = median(amostra[,k])
e[k,4] = quantile(amostra[,k],0.025)
e[k,5] = quantile(amostra[,k],0.975)
}
est.bayes = round(e,5)
est.nomes = c("Delta.alfa1: a1-a2","Delta.alfa2: a1-a3","Delta.alfa3: a2-a3",
"Delta.beta1: b1-b2","Delta.beta3: b1-b3","Delta.beta3: b2-b3")
est.bayes.nomes = c("Média","DP","Mediana","P2.5%","P97.5%")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes,est.bayes.nomes)
est.bayes
}

```

**# Exemplo de chamada**

```

tudo = cbind(curva.media1,curva.media2,curva.media3)
#arquivos gerados das estimativas Bayesianas para os parâmetros da curva média de postura
sumario4(tudo)

```

**# Programa para construção de gráfico da curva média**

```

curvamedia = function(alpha,beta,t)
{
# Obtenção de uma curva média ajustada: logit(phi[i,j]) = alpha[i] + beta[i]*t
# alpha : alpha médio
# beta : beta médio
phi = exp(alpha + beta*t)/(1+exp(alpha + beta*t))
plot(t,phi,xlab="j-ésima ocasião (dias)",
ylab=expression(paste("Prob. de postura média:", sep=" ",phi[j])),type="l")
phi
}

```

**# Exemplo de chamada**

```

curvamedia(alpha= -0.4518,beta= 0.08302,t=1:90)
# Plotando o gráfico das curvas médias
L1=cmedia(alpha= -0.4518,beta= 0.08302, t=1:90) #Amarela
L2=cmedia(alpha= -1.17, beta= 0.084787,t=1:90) #Azul
L3=cmedia(alpha= -0.8178,beta= 0.0894, t=1:90) #Vermelha
t=1:90
plot(t,L1,xlab="j-ésima ocasião (dias)", ylab=expression(paste("Prob. de postura média:",
sep=" ",phi[j])),type="l")

```

```
lines(L2,lty=2); lines(L3,lty=3)
legend(50,0.75,c("Linhagem amarela","Linhagem azul","Linhagem vermelha"),
      cex=.7,lty=c(1:3),bty="n")
```

**# Programa para estimação dos componentes dos efeitos fixos e aleatórios  
# do modelo animal unicaracterístico.**

**# Amostrador de Gibbs-Sampler via Qui-quadrado para estimação dos parâmetros  
# do modelo misto e seus componentes de variância  $Y = Xb + Zu + e$**

```
GSQQ = function(sigma2.e0,sigma2.a0,hiper,burn,salto,sem,N)
{
  library(MASS) # livreria necessária para gerar normal multivariada
  library(coda) # livreria necessária para análise de convergência
  sigma2.a = sigma2.a0 # Variância genética aditiva
  sigma2.e = sigma2.e0 # Variância residual
  # hiper: Hiperparâmetros das prioris
  va = hiper[1]
  ve = hiper[2]
  S2.a = hiper[3]
  S2.e = hiper[4]
  # burn : queima dos valores iniciais
  # salto : para eliminar autocorrelações
  # sem : semente
  # N : número de iterações
  #####
  # Sistema de equações de Henderson
  # Inversa de A
  Ainv = solve(A)
  # Cálculos auxiliares
  c11 = t(X)%*%X # X'X
  c12 = t(X)%*%Z # X'Z
  c21 = t(Z)%*%X # Z'X
  k = sigma2.e/sigma2.a
  h2 = sigma2.a/(sigma2.a+sigma2.e) # Herdabilidade
  c22 = t(Z)%*%Z+Ainv*k # Z'Z + Ainv*k
  E1 = t(X)%*%Y # X'y
  E2 = t(Z)%*%Y # Z'y
  E = rbind(E1,E2)
  # Obtenção da matriz C :
  w1 = cbind(c11,c12)
  w2 = cbind(c21,c22)
  C = rbind(w1,w2)
  G = solve(C)
  # Solução do sistema
  par = G%*%E
  #####
  set.seed(sem)
  n = length(Y)
  p = ncol(X)
  q = ncol(Z)
  N = N+1
  i = 1
  b = matrix(0,p,N)
  b[,i] = par[1:p]
  u = matrix(0,q,N)
  u[,i] = par[(p+1):(p+q)]
  out = matrix(0,N,3)
  # Início das iterações
  for (i in 2:N)
```

```

{
  if (i%%100==0) cat("i = ", i, "\n")
  mean.b = solve(t(X)%*%X)%*%t(X)%*%(Y-Z%*%u[i-1])
  var.b = solve(t(X)%*%X)*sigma2.e[i-1]
  b[,i] = mvrnorm(1,mean.b,var.b)
# b : vetor de efeitos fixos (betas)
  mean.u = solve(t(Z)%*%Z+Ainv*k[i-1])%*%t(Z)%*%(Y-X%*%b[,i-1])
  var.u = solve(t(Z)%*%Z+Ainv*k[i-1])*sigma2.e[i-1]
  u[,i] = mvrnorm(1,mean.u,var.u)
# u : vetor de efeitos genéticos aleatórios
  gl.a = q+va
  SS.a = t(u[,i])%*%Ainv%*%u[,i]
  sigma2.a[i] = (SS.a+va*S2.a)/rchisq(1,gl.a)
# sigma2.a : variância genética aditiva
  SS.e = t(Y-X%*%b[,i]-Z%*%u[,i])%*%(Y-X%*%b[,i]-Z%*%u[,i])
  gl.e = n+ve
  sigma2.e[i] = (SS.e+ve*S2.e)/rchisq(1,gl.e)
# sigma2.e : variância residual
  k[i] = sigma2.e[i]/sigma2.a[i]
  h2[i] = sigma2.a[i]/(sigma2.a[i]+sigma2.e[i])
# h2 : Herdabilidade
  out[i-1,] = c(sigma2.a[i],sigma2.e[i],h2[i])
}
out = out[1:N-1,]
pars = cbind(t(b),t(u))
pars = pars[1:N-1,]
cadeia.bruta = cbind(out,pars)
write.matrix(cadeia.bruta,file="cadeia.bruta.txt",sep=" ")
# Burn e salto
n2 = length(cadeia.bruta[,1])
i0 = floor(burn*n2)
aux = cadeia.bruta[i0:n2,]
N2 = floor(length(aux[,1])/salto)
cadeia.limpa = matrix(0,N2,ncol(cadeia.bruta))
  for (i in 1:N2){cadeia.limpa[i,] = aux[i*salto,]}
amostra = cadeia.limpa
n.limpo = nrow(amostra)
##### Estimativas Bayesianas #####
cat("", "\n")
cat("Estimativa Bayesianas para os parâmetros", "\n")
cat("Tamanho da amostra final = ",n.limpo, "\n")
cat("", "\n")
e = matrix(0,ncol(amostra),6)
  for (k in 1:(ncol(amostra)))
  {
    e[,1] = c(0,0,0,1:p,1:q)
    e[k,2] = mean(amostra[,k])
    e[k,3] = sd(amostra[,k])
    e[k,4] = median(amostra[,k])
    e[k,5] = quantile(amostra[,k],0.025)
    e[k,6] = quantile(amostra[,k],0.975)
  }
est = round(e,2)
##### Teste de convergência Geweke #####
cadeia.limpa.mcmc = mcmc(cadeia.limpa)
cat("Teste de Convergência de Geweke (1992)", "\n")
geweke = geweke.diag(cadeia.limpa.mcmc)
print(geweke)
##### Teste de convergência Heidelberger and Welch's #####
cat("Teste de Convergência de Heidelberger and Welch's (1981)", "\n")

```

```

heid = heidel.diag(cadeia.limpa.mcmc)
print(heid)
hpd = round(HPDinterval(cadeia.limpa.mcmc),2)

##### Resultados Finais #####
est.bayes = cbind(est,hpd)
est.nomes = c("Sigma2.a", "Sigma2.e", "h2", rep("b",p), rep("u",q))
est.bayes.nomes = c("Parâmetros", "Média", "DP", "Mediana", "P2.5%", "P97.5%",
                  "HPD.inf", "HPD.sup")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes, est.bayes.nomes)
print (est.bayes)
write.matrix(est.bayes,file="estimativas.Bayesianas.txt",sep=" ")
file.show(file="estimativas.Bayesianas.txt")
##### Gráficos das Posteriores #####
par(mfrow=c(1,3))
hist(amostra[,1],main="",col=8,
     ylab = expression(paste("f(",sigma^2,"a", "|y)")),
     xlab = expression(paste("Variância Genética Aditiva : ", sigma^2,"a")))
hist(amostra[,2],main="",col=8,
     ylab = expression(paste("f(",sigma^2,"e", "|y)")),
     xlab = expression(paste("Variância Residual : ", sigma^2,"e")))
hist(amostra[,3],main="",col=8,
     ylab = expression(paste("f(",h^2,"|y)")),
     xlab = expression(paste("Herdabilidade : ", h^2)))
amostra
}

#Exemplo de chamada
#cadeia=GSQQ(sigma2.e0=80000,sigma2.a0=80000,
hiper=c(va=-2,ve=-2,S2.a=0,S2.e=0),salto=10,burn=0.05,sem=354,N=1000)

```

## APÊNDICE C

### Linhas de comando em linguagem R, utilizados no artigo 2

```

# Estimativas para a curva de postura individual
# Modelo Bayesiano *.bug
model;
{
  for( i in 1 : n )
  {
    alpha[i] ~ dnorm( 0.0,tau.alpha)
    beta[i] ~ dnorm( 0.0,tau.beta)
    for( j in 1 : J )
    {
      y[i , j] ~ dbern(p[i , j])
      logit(p[i , j]) <- alpha[i] + beta[i] * j
    }
  }
  a1bar <- mean(alpha[])
  a2bar <- mean(beta[])
  tau.alpha ~ dgamma(0.001,0.001)
  sigma.alpha <- 1 / sqrt(tau.alpha)
  tau.beta ~ dgamma(0.001,0.001)
  sigma.beta <- 1 / sqrt(tau.beta)
}

# Programa para obtenção das estimativas a posteriori
curvapostura=function(dados,modelo,J,iter,burn,salto)
{
  library(MASS)
  y = matrix(scan(dados),ncol=J,byrow=T)
  n = length(y[,1]) # número de animais
  # Primeiro Estágio - segundo Gianola(2001)
  # Obtenção dos parâmetros (alpha e beta) das curvas de regressão logística da probabilidade de
  # postura de cada animal
  library(BRugs)
  dados = list(n=n,J=J,y=structure(.Data = y,.Dim = c(n,J)))
  alpha0=beta0 = rnorm(n) # gerando valores iniciais - N(0,1)
  inits = function() list(alpha=alpha0,beta=beta0,tau.alpha=1,tau.beta=1)
  # parâmetros estimados: alpha e beta : parâmetros da curva de cada animal
  # a1bar : alfa médio
  # a2bar : beta médio
  parameters = c("a1bar","a2bar","alpha","beta")
  res = BRugsFit(modelFile=modelo, data=dados, inits,
    numChains = 1, parametersToSave=parameters, nBurnin = burn,
    nIter = iter, nThin = salto, DIC = TRUE, working.directory = NULL, digits = 5)
  print(res)
  # amostra das cadeias de alpha e beta médios (parâmetros da curva média)
  curva.media=cbind(samplesSample("a1bar"),samplesSample("a2bar"))
  # Estimativas de todos os parâmetros
  samplesStats("")
  estimativas=samplesStats("")
  write.matrix(estimativas,file="estimativas.txt",sep=" ")
  media.post=round(samplesStats("")$mean,5) # somente as médias
  media.post=media.post[3:length(media.post)]
  media.post=cbind(media.post[1:n],media.post[(n+1):(2*n)])
  write.matrix(media.post,file="media.parametros.post.txt",sep=" ")
  # Gráfico das posteriores dos parâmetros da curva média
  par(mfrow=c(2,2))
  hist(curva.media[,1],main="",col=8,

```



```

xlab=expression(paste(alpha,"-médico")),
ylab = expression(paste("f(",alpha,"|y)"))
hist(curva.media[,2],main=" ",col=8,
xlab=expression(paste(beta,"-medio")),
ylab = expression(paste("f(",beta,"|y)"))
# Gráfico da curva média de postura
#par(mfrow=c(1,2))
alpha.medio=samplesStats("a1bar")$mean
beta.medio=samplesStats("a2bar")$mean
t=1:J
phi1 = exp(alpha.medio + beta.medio*t)/(1+exp(alpha.medio + beta.medio*t))
plot(t,phi1,xlab="j-ésima ocasião (dias)",
ylab=expression(paste("Prob. de postura (" , sep=" ",phi[j],"")),type="l")
legend((J-2),0.75,c("Curva média"),cex=.7,lty=1,bty="n")
}

```

### # Exemplo de chamada

```

setwd("D:\\Work\\DoutoradoZOO\\Projeto\\programas\\artigo2\\amarela")
modelo="modelo.bug"
dados="dados.txt"
curvapostura(dados,modelo,J=5,iter=10000,burn=1000,salto=5)

```

### # Obtenção das estimativas dos parâmetros do modelo animal # em análises bi-características

#### # Procedimento para obtenção da matriz de parentesco

```

rm(list = ls()) # apaga toda a memória do R
setwd("D:\\Work\\DoutoradoZOO\\Projeto\\programas\\artigo2") #área de trabalho
dados = read.table("dados.txt",header=T,skip=0)
# Obtendo a matriz de parentesco e sua inversa.
dadosPed = read.table("dadosPed.txt",header=T,skip=0)
library(GeneticsPed) # livraria necessária
ped = Pedigree(x=dadosPed, subject="animal",ascendant=c("pai","mae"))
ped = extend(ped)
ped = ped[order(ped[,1]),]
Ainv = inverseAdditive(x=ped)
A = round(ginv(Ainv),5)
write.matrix(Ainv,file="Ainv.txt",sep=" ")

```

#### # Programa

```

Animal.Bayes2 = function(hiper,G0,Re,burn,salto,sem,N)
{
#-----Parâmetros da função-----#
# hiper : Hiperparâmetros das prioris das matrizes Re e G0
# os valores devem ser menores que -(k+1), isto é,< -3 (caso bicaráter)
# para ser uma priori própria #
# Re e Go : Chutes iniciais para as matrizes Re e G0 - devem
#ser simétricas e definidas-positivas
# salto : Para eliminar autocorrelação
# burn : Burning ou queima dos valores iniciais
# sem : Semente
# N : Número de iterações
library(MASS) # livraria necessária para gerar normal multivariada
library(MCMCpack) # Livraria necessária para gera Wishart invertida
library(coda) # livraria necessária para análise de convergência
# Montando as matrizes de incidências
set.seed(sem)
Y = c(dados[,6],dados[,7])
n = length(Ainv[1,])
q = dim(Ainv)[1]

```

```

x1 = as.matrix(dados[,4:5])
k = ncol(x1)      # k = 2 : Bicaráter
x2 = matrix(0,n,k)
X1 = cbind(x1,x2)
X2 = cbind(x2,x1)
X = rbind(X1,X2)  # Matriz de incidência dos efeitos fixos
z1 = matrix(0,n,q)
z2 = diag(1,q)
Z1 = cbind(z1,z2)
Z2 = cbind(z2,z1)
Z = rbind(Z1,Z2)  # Matriz de incidência dos efeitos aleatórios
#-----#
# hiper: Hiperparâmetros das prioris das matrizes Re e G0
va = hiper[1]
ve = hiper[2]
# Chutes iniciais para as matrizes Re e G0
Re = matrix(Re,k,k) # matriz residual
G0 = matrix(G0,k,k) # matriz genética aditiva
#-----#
# Resolvendo o sistema de Henderson
M = cbind(X,Z)
R = kronecker(Re,diag(n))
Ga = kronecker(solve(G0),Ainv)
d1 = dim(Ga)
O1 = matrix(0,2*k,2*k)
O12 = matrix(0,2*k,d1)
O21 = t(O12)
O = rbind(cbind(O1,O12),cbind(O21,Ga))
C = t(M)%solve(R)%M+O
theta0 = solve(C)%t(M)%solve(R)%Y
#-----#
p = length(theta0)
theta = matrix(0,p,N)
i = 1
theta[,i] = theta0
r = 2*(k*(k+1)/2)
out = matrix(0,N,r)
out[,i] = c(Re[,1],Re[,2],Re[,2],G0[,1],G0[,2],G0[,2])
var.theta = ginv(C)
#-----#
# Início das iterações
for (i in 2:N)
{
if (i%100==0) cat("i = ", i, "\n")
# atualizando os valores
Ga = kronecker(solve(G0),Ainv)
O = rbind(cbind(O1,O12),cbind(O21,Ga))
C = t(M)%solve(R)%M+O
theta[,i] = solve(C)%t(M)%solve(R)%Y
var.theta = ginv(C)
# theta: vetor de efeitos fixos e aleatórios (b : u)
theta[,i] = mvnrm(1,theta[,i],var.theta)
# Obtendo a matrix de dispersão dos efeitos genéticos aditivos
Sa11 = t(theta[(2*k+1):(q+2*k),i])%Ainv%theta[(2*k+1):(q+2*k),i]
Sa12 = t(theta[(2*k+1):(q+2*k),i])%Ainv%theta[(q+2*k+1):p,i]
Sa21 = Sa12
Sa22 = t(theta[(q+2*k+1):p,i])%Ainv%theta[(q+2*k+1):p,i]
Sa = matrix(c(Sa11,Sa21,Sa12,Sa22),k,k)
# Obtendo a matrix de dispersão dos resíduos
e = Y - X%theta[1:(2*k),i] - Z%theta[(2*k+1):p,i]

```

```

ey1 = e[1:q]
ey2 = e[(q+1):(2*q)]
Se11 = t(ey1)%**ey1
Se12 = t(ey1)%**ey2
Se21 = Se12
Se22 = t(ey2)%**ey2
Se = matrix(c(Se11,Se21,Se12,Se22),k,k)
#Hiperparâmetros da Wishart invertida
va = hiper[1]
ve = hiper[2]
Va = Ve = matrix(0,k,k)
# G0 : matrix de (co)variância genética aditiva
G0 = riwish(va+q,ginv(ginv(Va)+Sa))
# Re : matrix de (co)variância residual
Re = riwish(ve+q,ginv(ginv(Ve)+Se))
# Saída
out[i,] = c(G0[1,1],G0[1,2],G0[2,2],Re[1,1],Re[1,2],Re[2,2])
out
}
theta = round(t(theta),5)
write.matrix(theta[,1:(2*k)],file="cadeia.bruta.efixo.txt",sep=" ")
write.matrix(theta[(2*k+1):p],file="cadeia.bruta.ealeatorio.txt",sep=" ")
# Herdabilidade
h2.1 = out[,1]/(out[,1]+out[,3]) # Da Característica Y1
h2.2 = out[,4]/(out[,4]+out[,6]) # Da Característica Y2
cadeia.bruta = cbind(out,h2.1,h2.2)
write.matrix(cadeia.bruta,file="cadeia.bruta.txt",sep=" ")
# Burn e salto
n2 = length(cadeia.bruta[,1])
i0 = floor(burn*n2)
aux = cadeia.bruta[i0:n2,]
N2 = floor(length(aux[,1])/salto)
cadeia.limpa = matrix(0,N2,ncol(cadeia.bruta))
  for (i in 1:N2){cadeia.limpa[i,] = aux[i*salto,]}
n.limpo = nrow(cadeia.limpa)
write.matrix(cadeia.limpa,file="cadeia.limpa.txt",sep=" ")
##### Estimativas Bayesianas #####
cat("", "\n")
cat("----- ROSSI,R.M. @ DES-UEM -----","\n")
cat("-- Estimativa Bayesianas para os Parâmetros do Modelo Animal - Bicaráter --","\n")
cat("----- Amostrador de Gibbs-Sampler -----","\n")
cat("----- Tamanho da amostra final = ",n.limpo,"-----","\n")
cat("", "\n")
est = matrix(0,ncol(cadeia.limpa),5)
  for (r in 1:(ncol(cadeia.limpa)))
    {
      est[r,1] = mean(cadeia.limpa[,r])
      est[r,2] = sd(cadeia.limpa[,r])
      est[r,3] = median(cadeia.limpa[,r])
      est[r,4] = quantile(cadeia.limpa[,r],0.025)
      est[r,5] = quantile(cadeia.limpa[,r],0.975)
    }
est = round(est,5)
##### Teste de convergência Geweke #####
cadeia.limpa.mcmc = mcmc(cadeia.limpa)
#cat("Teste de Convergência de Geweke (1992)", "\n")
#geweke = geweke.diag(cadeia.limpa.mcmc)
#print(geweke)
##### Teste de convergência Heidelberger and Welch's #####
#cat("Teste de Convergência de Heidelberger and Welch's (1981)", "\n")

```

```

#heid = heidel.diag(cadeia.limpa.mcmc)
#print(heid)
hpd = round(HPDinterval(cadeia.limpa.mcmc),5)
##### Resultados Finais #####
est.bayes = cbind(est,hpd)
est.nomes = c("G0.11","G0.12","G0.22","Re.11","Re.12","Re.22","h2.Y1","h2.Y2")
est.bayes.nomes = c("Média","DP","Mediana","P2.5%","P97.5%","HPD.inf","HPD.sup")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes,est.bayes.nomes)
print(est.bayes)
write.matrix(est.bayes,file="estimativas.Bayesianas.txt",sep=" ")
##### Saída somente para G0 e Re #####
cat("", "\n")
cat("Matriz de (co)Variância Genética Aditiva - Média a posteriori", "\n")
# matriz genética aditiva
G0 = matrix(c(est[1,1],est[2,1],est[2,1],est[3,1]),k,k,
dimnames=list(c("Y1","Y2"),c("Y1","Y2")))
print(round(G0,5))
write.matrix(G0,file="matriz.genetica.aditiva.txt",sep=" ")
cat("", "\n")
cat("Matriz de (co)Variância Residual - Média a posteriori", "\n")
# matriz residual
Re = matrix(c(est[4,1],est[5,1],est[5,1],est[6,1]),k,k,
dimnames=list(c("Y1","Y2"),c("Y1","Y2")))
print(round(Re,5))
write.matrix(Re,file="matriz.residual.txt",sep=" ")

##### Gráficos das Posteriors #####
par(mfrow=c(3,2))
# Para G0
hist(cadeia.limpa[,1],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[a[1]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[a[1]]^2)))
hist(cadeia.limpa[,2],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[a[12]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[a[12]]^2)))
hist(cadeia.limpa[,3],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[a[2]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[a[2]]^2)))
# Para Re
hist(cadeia.limpa[,4],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[e[1]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[e[1]]^2)))
hist(cadeia.limpa[,5],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[e[12]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[e[12]]^2)))
hist(cadeia.limpa[,6],main="",col=8,
ylab = expression(paste("f(",sigma[e[2]]^2,"|y)")),
xlab = expression(paste(sigma[e[2]]^2)))
cadeia.limpa
}

#Exemplo de chamada
#cadeia=Animal.Bayes2(hiper=c(va=-4,ve=-4),G0=c(1,0.5,0.5,1),
Re=c(1,0.5,0.5,1),burn=0.05,salto=10,sem=123,N=100000)

# Programa para fornecer o sumário final a posteriori – Análises bi-características
sumario3 = function(amostra)
{
library(coda)
library(MASS)

```

```

cat("Estimativas Bayesianas para os Componentes de (co)Variância Genéticos e Residuais", "\n")
cat("Herdabilidade para os parâmetros da curva de postura de interesse", "\n")
# Cálculo das herdabilidades
h2.alfa = amostra[,1]/ (amostra[,1] + amostra[,4]) # para alfa
h2.beta = amostra[,3]/ (amostra[,3] + amostra[,6]) # para beta
amostra=cbind(amostra,h2.alfa,h2.beta)
e = matrix(0,ncol(amostra),5)
for (k in 1:(ncol(amostra)))
{
  e[k,1] = mean(amostra[,k])
  e[k,2] = sd(amostra[,k])
  e[k,3] = median(amostra[,k])
  e[k,4] = quantile(amostra[,k],0.025)
  e[k,5] = quantile(amostra[,k],0.975)
}
est = round(e,5)
amostra.mcmc = mcmc(amostra)
hpd = round(HPDinterval(amostra.mcmc),5)
est.bayes = cbind(est,hpd)
est.nomes = c("Sigma2.a.alfa", "Sigma.a.alfaxbeta", "Sigma2.a.beta", "Sigma2.e.alfa",
              "Sigma.e.alfaxbeta", "Sigma2.e.beta", "h2.alfa", "h2.beta ")
est.bayes.nomes = c("Média", "DP", "Mediana", "P2.5%", "P97.5%", "HPD.inf", "HPD.sup")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes,est.bayes.nomes)
est.bayes
}

```

### # Programa para fornecer o sumário final a posteriori para os contraste

#### # Análises bi-características

```

sumario2 = function(amostra)
{
  library(coda)
  library(MASS)
  cat("Estimativas Bayesianas para os Componentes de (co)Variância Genéticos e Residuais", "\n")
  cat("Herdabilidade e para os contrastes entre os parâmetros da curva de postura de
      interesse", "\n")
  p = ncol(amostra)
  # Cálculo das herdabilidades
  h2a1 = amostra[,1]/ (amostra[,1] + amostra[,11]) # para a1
  h2a2 = amostra[,5]/ (amostra[,5] + amostra[,14]) # para a2
  h2b1 = amostra[,8]/ (amostra[,8] + amostra[,13]) # para b1
  h2b2 = amostra[,10]/(amostra[,10] + amostra[,16]) # para b2
  # Teste de hipóteses em G
  d1 = amostra[,1]-amostra[,5] # var a1 x var a2
  d2 = amostra[,8]-amostra[,10] # var b1 x var b2
  d3 = amostra[,3]-amostra[,7] # cov a1b1 x cov a2b2
  # Teste de hipóteses em R
  d4 = amostra[,11]-amostra[,14] # var a1 x var a2
  d5 = amostra[,13]-amostra[,16] # var b1 x var b2
  d6 = amostra[,12]-amostra[,15] # cov a1b1 x cov a2b2
  # Teste de hipóteses em h2
  d7 = h2a1 - h2a2
  d8 = h2b1 - h2b2
  amostra=cbind(amostra,h2a1,h2a2,h2b1,h2b2,d1,d2,d3,d4,d5,d6,d7,d8)
  e = matrix(0,ncol(amostra),5)
  for (k in 1:(ncol(amostra)))
  { e[k,1] = mean(amostra[,k])
    e[k,2] = sd(amostra[,k])
    e[k,3] = median(amostra[,k])
    e[k,4] = quantile(amostra[,k],0.025)
    e[k,5] = quantile(amostra[,k],0.975) }
}

```

```

est = round(e,5)
amostra.mcmc = mcmc(amostra)
hpd = round(HPDinterval(amostra.mcmc),5)
est.bayes = cbind(est,hpd)
est.nomes = c("G0.a1","G0.a1a2","G0.a1b1","G0.a1b2",
             "G0.a2","G0.a2b1","G0.a2b2",
             "G0.b1","G0.b1b2",
             "G0.b2",
             "Re.a1","Re.a1b1",
             "Re.b1",
             "Re.a2","Re.a2b2",
             "Re.b2",
             "h2.a1","h2.a2","h2.b1","h2.b2",
             "G0.a1-a2","G0.b1-b2","G.a1b1-a2b2",
             "Re.a1-a2","Re.b1-b2","Re.a1b1-a2b2",
             "h2.a1-a2","h2.b1-b2")
est.bayes.nomes = c("Média","DP","Mediana","P2.5%","P97.5%","HPD.inf","HPD.sup")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes,est.bayes.nomes)
write.matrix(est.bayes,file="est.Bayesianas.estagio2.txt",sep=" ")
est.bayes
}

```

### # Programa para obtenção do sumário para os contrastes a posteriori entre as linhagens

```

contrastes = function(linhagem1,linhagem2,linhagem3)
{
library(coda)
library(MASS)
cat("Comparações entre Linhagens a respeito da ", "\n")
cat("Herdabilidade e covariâncias Genéticas e Residuais", "\n")
amostra1 = linhagem1
amostra2 = linhagem2
amostra3 = linhagem3
# função para ordenar na comparação de distribuições
for (j in 1: ncol(amostra1)) { amostra1[,j] = sort(amostra1[,j]) }
for (j in 1: ncol(amostra2)) { amostra2[,j] = sort(amostra2[,j]) }
for (j in 1: ncol(amostra3)) { amostra3[,j] = sort(amostra3[,j]) }
# Cálculo das herdabilidades - linhagem 1
L1h2a1 = amostra1[,1]/ (amostra1[,1] + amostra1[,11]) # para a1
L1h2a2 = amostra1[,5]/ (amostra1[,5] + amostra1[,14]) # para a2
L1h2b1 = amostra1[,8]/ (amostra1[,8] + amostra1[,13]) # para b1
L1h2b2 = amostra1[,10]/(amostra1[,10] + amostra1[,16]) # para b2
# Cálculo das herdabilidades - linhagem 2
L2h2a1 = amostra2[,1]/ (amostra2[,1] + amostra2[,11]) # para a1
L2h2a2 = amostra2[,5]/ (amostra2[,5] + amostra2[,14]) # para a2
L2h2b1 = amostra2[,8]/ (amostra2[,8] + amostra2[,13]) # para b1
L2h2b2 = amostra2[,10]/(amostra2[,10] + amostra2[,16]) # para b2
# Cálculo das herdabilidades - linhagem 3
L3h2a1 = amostra3[,1]/ (amostra3[,1] + amostra3[,11]) # para a1
L3h2a2 = amostra3[,5]/ (amostra3[,5] + amostra3[,14]) # para a2
L3h2b1 = amostra3[,8]/ (amostra3[,8] + amostra3[,13]) # para b1
L3h2b2 = amostra3[,10]/(amostra3[,10] + amostra3[,16]) # para b2
# Contrastes das herdabilidades entre linhagens
d1 = L1h2a1-L2h2a1 # a1
d2 = L1h2a1-L3h2a1
d3 = L2h2a1-L3h2a1
d4 = L1h2a2-L2h2a2 # a2
d5 = L1h2a2-L3h2a2
d6 = L2h2a2-L3h2a2
d7 = L1h2b1-L2h2b1 # b1
d8 = L1h2b1-L3h2b1
}

```

```

d9 = L2h2b1-L3h2b1
d10 = L1h2b2-L2h2b2 # b2
d11 = L1h2b2-L3h2b2
d12 = L2h2b2-L3h2b2
# Contrastes das covariâncias genéticas entre linhagens
d13 = amostra1[,2]-amostra2[,2] # cov a1a2
d14 = amostra1[,2]-amostra3[,2]
d15 = amostra2[,2]-amostra3[,2]
d16 = amostra1[,3]-amostra2[,3] # cov a1b1
d17 = amostra1[,3]-amostra3[,3]
d18 = amostra2[,3]-amostra3[,3]
d19 = amostra1[,4]-amostra2[,4] # cov a1b2
d20 = amostra1[,4]-amostra3[,4]
d21 = amostra2[,4]-amostra3[,4]
d22 = amostra1[,6]-amostra2[,6] # cov a2b1
d23 = amostra1[,6]-amostra3[,6]
d24 = amostra2[,6]-amostra3[,6]
d25 = amostra1[,7]-amostra2[,7] # cov a2b2
d26 = amostra1[,7]-amostra3[,7]
d27 = amostra2[,7]-amostra3[,7]
d28 = amostra1[,9]-amostra2[,9] # cov b1b2
d29 = amostra1[,9]-amostra3[,9]
d30 = amostra2[,9]-amostra3[,9]
# Contrastes das covariâncias residuais entre linhagens
d31 = amostra1[,12]-amostra2[,12] # cov a1b1
d32 = amostra1[,12]-amostra3[,12]
d33 = amostra2[,12]-amostra3[,12]
d34 = amostra1[,15]-amostra2[,15] # cov a2b2
d35 = amostra1[,15]-amostra3[,15]
d36 = amostra2[,15]-amostra3[,15]
amostra=cbind(d1,d2,d3,d4,d5,d6,d7,d8,d9,d10,d11,d12, d13,d14,d15,d16,d17,d18,d19,d20,
d21,d22,d23,d24,d25,d26,d27,d28,d29,d30,d31,d32,d33,d34,d35,d36)
e = matrix(0,ncol(amostra),5)
for (k in 1:(ncol(amostra)))
{
  e[k,1] = mean(amostra[,k])
  e[k,2] = sd(amostra[,k])
  e[k,3] = median(amostra[,k])
  e[k,4] = quantile(amostra[,k],0.025)
  e[k,5] = quantile(amostra[,k],0.975)
}
est = round(e,5)
amostra.mcmc = mcmc(amostra)
hpd = round(HPDinterval(amostra.mcmc),5)
est.bayes = cbind(est,hpd)
est.nomes = c("h2.a1-L1xL2","h2.a1-L1xL3","h2.a1-L2xL3",
              "h2.a2-L1xL2","h2.a2-L1xL3","h2.a2-L2xL3",
              "h2.b1-L1xL2","h2.b1-L1xL3","h2.b1-L2xL3",
              "h2.b2-L1xL2","h2.b2-L1xL3","h2.b2-L2xL3",
              "G0.a1a2-L1xL2","G0.a1a2-L1xL3","G0.a1a2-L2xL3",
              "G0.a1b1-L1xL2","G0.a1b1-L1xL3","G0.a1b1-L2xL3",
              "G0.a1b2-L1xL2","G0.a1b2-L1xL3","G0.a1b2-L2xL3",
              "G0.a2b1-L1xL2","G0.a2b1-L1xL3","G0.a2b1-L2xL3",
              "G0.a2b2-L1xL2","G0.a2b2-L1xL3","G0.a2b2-L2xL3",
              "G0.b1b2-L1xL2","G0.b1b2-L1xL3","G0.b1b2-L2xL3",
              "Re.a1b1-L1xL2","Re.a1b1-L1xL3","Re.a1b1-L2xL3",
              "Re.a2b2-L1xL2","Re.a2b2-L1xL3","Re.a2b2-L2xL3")
est.bayes.nomes = c("Média","DP","Mediana","P2.5%","P97.5%","HPD.inf","HPD.sup")
dimnames(est.bayes)=list(est.nomes,est.bayes.nomes)
est.bayes}
#Exemplo de chamada: contrastes(amarela,azul,vermelha)

```

## APÊNDICE D

### Linhas de comando em linguagem R, utilizados no artigo 3

```
# Programa para o cálculo do índice de seleção animal
# baseado na sub-amostra em direção da amostra total
indice = function(vg.old.sub,Rg.subxtotal,Re.subxtotal)
{
#vg.old.sub = arquivo dos animais com os v.g. estimados no mtgsam das sub-amostras
#Rg.subxtotal = Matriz de (co)variâncias genéticas entre a sub-amostra e total
#Re.subxtotal = Matriz de (co)variâncias residuais entre a sub-amostra e total
# vem da octa-carater ou dode-carater (MTGSAM)
# Trabalhando a amostra total
# Variância genética, residual e fenotípica
var.a_t.alfa = Rg.subxtotal[3,1]
var.e_t.alfa = Re.subxtotal[3,1]
var.a_t.beta = Rg.subxtotal[4,2]
var.e_t.beta = Re.subxtotal[4,2]
var.y_t.alfa = var.a_t.alfa + var.e_t.alfa
var.y_t.beta = var.a_t.beta + var.e_t.beta
# Covariância fenotípica
sigma.y_t.alfa = sqrt(var.y_t.alfa)
sigma.y_t.beta = sqrt(var.y_t.beta)
sigma.y_t = c(sigma.y_t.alfa,sigma.y_t.beta)
# Herdabilidade
h2.y_t.alfa = var.a_t.alfa/ (var.a_t.alfa + var.e_t.alfa)
h2.y_t.beta = var.a_t.beta/ (var.a_t.beta + var.e_t.beta)
h2.y_t = c(h2.y_t.alfa,h2.y_t.beta)
# Ganho genético
delta.g_t = h2.y_t*sigma.y_t
# Trabalhando a matriz de covariância entre sub-amostra e total
G = t(Rg.subxtotal[1:2,1:2])
b = ginv(G) %*% delta.g_t
cat("Delta G :",delta.g_t,"\n")
cat("b :",b,"\n")
# Comparando as vg's
# vg.txt é da saída do mtgsam em análise bi-caracter
#vg.old.sub = matrix(scan("vg.txt"),ncol=4,byrow=T)
vg.new = I = t(t(b) %*% t(vg.old.sub[,3:4]))
vg.new = cbind(vg.old.sub,vg.new)
write.matrix(vg.new,file="vg.new.sub.txt",sep=" ")
}
```

#### #Exemplo de chamada

```
#vg.old.1x14 = matrix(scan("vg.1x14.txt"),ncol=4,byrow=T)
```

#### # Programa para obtenção do índice smente para a amostra total (referência)

```
indice.total = function(vg.old,Rg.total,Re.total)
{
#vg.old.sub = arquivo dos animais com os v.g. estimados no mtgsam das sub-amostras
#Rg.subxtotal = Matriz de (co)variâncias genéticas entre a sub-amostra e total
#Re.subxtotal = Matriz de (co)variâncias residuais entre a sub-amostra e total
# vem da octocarater ou dodecarater
# Trabalhando a amostra total
# Variância genética, residual e fenotípica
var.a_t.alfa = Rg.total[1,1]
var.e_t.alfa = Re.total[1,1]
var.a_t.beta = Rg.total[2,2]
var.e_t.beta = Re.total[2,2]
var.y_t.alfa = var.a_t.alfa + var.e_t.alfa
```



```

var.y_t.beta = var.a_t.beta + var.e_t.beta
# Covariância fenotípica
sigma.y_t.alfa = sqrt(var.y_t.alfa)
sigma.y_t.beta = sqrt(var.y_t.beta)
sigma.y_t = c(sigma.y_t.alfa,sigma.y_t.beta)
# Herdabilidade
h2.y_t.alfa = var.a_t.alfa/ (var.a_t.alfa + var.e_t.alfa)
h2.y_t.beta = var.a_t.beta/ (var.a_t.beta + var.e_t.beta)
h2.y_t = c(h2.y_t.alfa,h2.y_t.beta)
# Ganho genético
delta.g_t = h2.y_t*sigma.y_t
# Trabalhando a matriz de covariância entre sub-amostra e total
G = t(Rg.total[1:2,1:2])
b = ginv(G) %*% delta.g_t
cat("Delta G :",delta.g_t,"\n")
cat("b :",b,"\n")
# Comparando as vg's
# vg.txt é da saída do mtgsam em análise bi-caracter
#vg.old.sub = matrix(scan("vg.txt"),ncol=4,byrow=T)
vg.new = I = t(t(b) %*% t(vg.old[,3:4]))
vg.new = cbind(vg.old.90,vg.new)
write.matrix(vg.new,file="vg.new.90.txt",sep=" ")
}

# Programa para cálculo da correlação não paramétrica de spearman-Subamostra x Total
correlacao = function(vg.amostra1,vg.amostra2,k)
{
# Selecionando os k primeiros - com maior índice
selec1 = vg.amostra1[order(vg.amostra1[,5],decreasing = TRUE),]
#selec1 = selec1[1:k,]
selec2 = vg.amostra2[order(vg.amostra2[,5],decreasing = TRUE),]
#selec2 = selec2[1:k,]
# Verificando a correlação de Spearman entre a amostra selecionada e total
co = cor.test(selec1[,1], selec2[,1], method = "spearman")
print(co)
#plot(rank(selec1[,1]),rank(selec2[,1]),xlab="Seleção 1",ylab="Seleção 2")
aux=selec1[1:k,1]==selec2[1:k,1]
prop.table(table(aux))
}

# Exemplo de chamadas das funções para calculo do índice e correlação
#vg.total = indice(amostra.total,amostra.total)
#vg.1x14 = indice(amostra.1x14,amostra.total)
#correlacao(vg.1x14,vg.total,k=100)
#vg.15dias = indice(amostra.15dias,amostra.total)
#correlacao(vg.15dias,vg.total,k=100)

```