

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

Magda Metz

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA SELEÇÃO DE LINHAS PURAS  
DA RAÇA RHODE ISLAND RED PARA PRODUÇÃO DE OVOS**

Santa Maria, RS  
2018

**Magda Metz**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA SELEÇÃO DE LINHAS PURAS  
DA RAÇA RHODE ISLAND RED PARA PRODUÇÃO DE OVOS**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração Melhoramento Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Doutora em Zootecnia**.

Orientador: Prof. Dr. Paulo Roberto Nogara Rorato  
Coorientadora: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Fernanda Cristina Breda Mello

Santa Maria, RS  
2018

Metz, Magda  
Parâmetros genéticos para seleção de linhas puras da  
raça Rhode Island Red / Magda Metz.- 2018.  
68 p.; 30 cm

Orientador: Paulo Roberto Nogara Rorato  
Coorientadora: Fernanda Cristina Breda Mello  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa  
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós  
Graduação em Zootecnia, RS, 2018

1. Análise Multivariada 2. Componentes Principais 3.  
Regressão Aleatória I. Nogara Rorato, Paulo Roberto II.  
Breda Mello, Fernanda Cristina III. Título.

**Magda Metz**

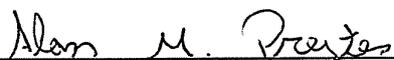
**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA SELEÇÃO DE LINHAS PURAS DA RAÇA  
RHODE ISLAND RED PARA PRODUÇÃO DE OVOS**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração Melhoramento Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Doutora em Zootecnia**.

**Aprovado em 20 de agosto de 2018:**

---

**Fernanda Cristina Breda Mello (UFSM)**  
(Presidente/Co-orientadora)



---

**Alan Miranda Prestes (UNOESC)**

---

**Catarina Stefanello (UFSM)**



---

**Elsio Antonio Pereira de Figueiredo (EMBRAPA)**

---

**Mariana de Almeida Dornelles (UFSM)**

Santa Maria, RS  
2018

## **AGRADECIMENTOS**

*À Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), em especial aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, por todo ensinamento transmitido.*

*Aos Professores Paulo Roberto Nogara Rorato e Fernanda Cristina Breda Mello pela orientação e pela confiança em mim depositada.*

*Ao Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), Concórdia, Santa Catarina, pela cedência do banco de dados.*

*À Professora Geni Pinto de Toledo, pela amizade, pelo exemplo profissional e pessoal e agradáveis momentos de convivência.*

*Aos meus pais Olavo e Sueli, por todo o esforço para a minha formação e por sempre me motivar a prosseguir os estudos e alcançar meus sonhos.*

*Ao meu marido Julio Cesar, pelo companheirismo, por entender as minhas faltas e momentos de reclusão. A minha filha Maria Vitória, luz da minha vida, razão pela qual sempre busquei força nos momentos mais difíceis.*

*Aos colegas Denise, Ana Paula, Jordana, Roberto Carboneira e a todos os amigos que ajudaram nesta caminhada.*

## RESUMO

### PARÂMETROS GENÉTICOS PARA SELEÇÃO DE LINHAS PURAS DA RAÇA RHODE ISLAND RED PARA PRODUÇÃO DE OVOS

AUTORA: MAGDA METZ

ORIENTADOR: PAULO ROBERTO NOGARA RORATO

Este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para a característica produção de ovos por meio de diferentes modelos. Os dados utilizados, referentes à produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red (RIR), linha GG, coletados no período de 1992 a 2013, fornecidos pelo CNPSA EMBRAPA. No Artigo 1 objetivou-se estimar os coeficientes de herdabilidade e correlação para a produção de ovos em períodos parciais e total, assim como, verificar a possibilidade do uso de um modelo de posto reduzido. A produção de ovos foi avaliada por meio da taxa de produção de ovos, composta por 7.087 registros agrupados em 13 períodos de 4 semanas (PO1 a PO13) entre a 19ª a 70ª semana de vida das aves, e outros 4 períodos acumulados (P1 a Ptotal). Para a análise de componentes principais foram consideradas os períodos de PO2 a PO11. As estimativas de herdabilidade foram 0,39, 0,11, 0,15 e 0,07 (P1, P2, P3 e Ptotal). As correlações genéticas entre os períodos P1xPtotal, P2xPtotal e P3xPtotal foram respectivamente 0,18, 0,53 e 0,99. O modelo de posto reduzido ajustado para os dois primeiros componentes principais foi o que proporcionou o melhor ajuste. As estimativas de herdabilidade para esse modelo variaram de 0,10 a 0,26. Conclui-se que a seleção de aves baseada na produção de ovos até a 54ª semana (P3) possui alta correlação genética com a produção total de ovos, e a estrutura de covariância genética para taxa de postura pode ser ajustada utilizando um modelo de posto reduzido contendo dois componentes principais. O Artigo 2 teve como objetivo comparar diferentes modelos de regressão aleatória (MRA), com distintas ordens do polinômio de Legendre, visando identificar o modelo de melhor ajuste para a taxa de postura de aves RIR e estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para essa característica. O arquivo de trabalho ficou composto por 83.687 registros, e as produções semanais foram agrupadas em 13 períodos compostas de 4 semanas (PO1 a PO13). O modelo proposto incluiu o efeito fixo de geração, a trajetória média de produção, o efeito aleatório e genético aditivo, o efeito permanente direto e residual. Para modelar a trajetória fixa foi usado polinômio de ordem quatro e para as trajetórias aleatórias, foram usados os polinômios ortogonais de Legendre, variando as ordens para o efeito genético aditivo e de ambiente permanente, com variância residual homogênea ou heterogênea. As diferenças entre os modelos foram comparadas utilizando os critérios de AIC, BIC, LogL e estatística LRT. O modelo composto por polinômios de ordem quatro para efeito fixo, ordem dois para efeito aditivo, oito para ambiente permanente, contendo sete classes de variância residual, foi o mais adequado para o ajuste dos dados de taxa de produção de ovos. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,01 a 0,24 e as correlações genéticas entre os períodos variaram de -0,27 a 1,00. A seleção baseada nos períodos parciais PO7 a PO10 apresentam boas estimativas de herdabilidade, estão bem correlacionados, sendo, portanto, indicados para a seleção de aves RIR.

**Palavras-chave:** Análise Multivariada. Componentes Principais. Regressão Aleatória.

## ABSTRACT

### GENETIC PARAMETERS FOR THE SELECTION OF PURE LINES OF THE RHODE ISLAND RED BREED

AUTHOR: MAGDA METZ

ADVISOR: PAULO ROBERTO NOGARA RORATO

This study aimed at estimating genetic parameters for the characteristic egg production by means of different models. The data used, referring to the production of eggs of pure-bred Rhode Island Red (RIR) line GG, collected in the period from 1992 to 2013, provided by CNPSA EMBRAPA. In Article 1, the objective was to estimate the coefficients of heritability and correlation for partial and total egg production, as well as to verify the possibility of using a reduced rank model. Egg production was evaluated through the egg production rate, composed of 7,087 records grouped in 13 four-week periods (PO1 to PO13) between the 19th to the 70th week of life of the birds, and another 4 accumulated periods (P1 to Ptotal). For the analysis of main components, the periods from PO2 to PO11 were considered. Heritability estimates were 0.39, 0.11, 0.15 and 0.07 (P1, P2, P3 and Ptotal). Genetic correlations between the periods P1xPtotal, P2xPtotal and P3xPtotal were respectively 0.18, 0.53 and 0.99. The reduced post model adjusted for the first two main components provided the best fit. Heritability estimates for this model ranged from 0.10 to 0.26. It was concluded that the selection of birds based on the production of eggs up to the 54th week (P3) has a high genetic correlation with the total egg production, and the genetic covariance structure for posture rate can be adjusted using a reduced rank model containing two main components. The objective of this study was to compare different models of random regression (MRA) with different orders of the Legendre polynomial, in order to identify the best fit model for the RIR bird posture rate and to estimate the covariance and parameter components for this characteristic. The work file consisted of 83,687 records, and weekly productions were grouped into 13 composite periods of 4 weeks (PO1 to PO13). The proposed model included the fixed generation effect, the average production trajectory, the additive random and genetic effect, the direct and residual permanent effect. In order to model the fixed trajectory we used a polynomial of order 4 and for the random trajectories, Legendre orthogonal polynomials were used, varying the orders for the additive and permanent environment genetic effect, with homogeneous or heterogeneous residual variance. Differences between the models were compared using the AIC, BIC, LogL and LRT statistics. The model composed of polynomials of order four for fixed effect, order two for additive effect, eight for permanent environment, containing seven classes of residual variance, was the most adequate for the adjustment of egg production rate data. Heritability estimates ranged from 0.01 to 0.24 and genetic correlations between the periods ranged from -0.27 to 1.00. The selection based on the partial periods PO7 to PO10 have good estimates of heritability, are well correlated and are therefore indicated for the selection of RIR birds.

**Keywords:** Multivariate Analysis. Principal Components. Random Regression.

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 1

- Tabela 1 – Número de observações ( $N^{\circ}$ ), médias, desvios-padrão (DP), coeficientes de variação (CV), número de grupos de contemporâneos (GC) para os períodos de 4 semanas (PO1 a PO13) e para os períodos acumulados (P1 a Ptotal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red ....29
- Tabela 2 – Estimativa de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ), fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) e pelo modelo multicaracterístico nos períodos totais e parciais, para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....29
- Tabela 3 – Estimativa de correlação genética ( $r_a$ ), ambiente ( $r_e$ ), fenotípica ( $r_p$ ) entre os períodos parciais acumulados (P1, P2 e P3) e o período total (Ptotal) e eficiência relativa da seleção (ERS), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....30
- Tabela 4 – Número de parâmetros (NP), função de verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiana de Schwarz (BIC) e proporção de variância genética aditiva ( $\lambda$ , em %) explicada pelos três primeiros autovalores para os modelos de posto completo (MC) e para os de posto reduzido (CPn), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....31
- Tabela 5 – Estimativas de correlações genéticas entre os períodos PO2 a PO11, obtidas pelo modelo completo (acima da diagonal) e pelo modelo CP2 (abaixo da diagonal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....34
- Tabela 6 – Estimativas de correlações fenotípicadas obtidas entre os períodos PO2 a PO11 pelo modelo completo (acima da diagonal) e pelo modelo CP2 (abaixo da diagonal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....34

### CAPÍTULO 2

- Tabela 1 – Número de observações ( $N^{\circ}$ ), médias, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), número de grupos de contemporâneos (GC) para a taxa de produção de ovos de aves da raça Rhode Island Red.....47
- Tabela 2 – Modelos, número de parâmetros (P), logaritmo da função de verossimilhança (LogL), critérios de Akaike (AIC), Bayesiano de Schwarz (BIC) e teste da razão de verossimilhança para os modelos aninhados (LRT) .....48

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO 1

- Figura 1 – Variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ambiente ( $\sigma_e^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) estimadas usando o Modelo Univariado (UNI), Modelo Multicaracterístico de Posto Completo (MC), Modelo Ajustando os Quatro Primeiros Componentes Principais (CP<sub>4</sub>) e os Dois Primeiros Componentes Principais (CP<sub>2</sub>), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red .....32

### CAPÍTULO 2

- Figura 1 – Estimativas de herdabilidade para os modelos L28\_7, L38\_7, L48\_7, univariada (UNI) e multivariada (MULTI).....49
- Figura 2 – Estimativas de correlações genéticas ( $r_a$ ) e ambiente permanente ( $r_e$ ) para os modelos L28\_7 (a), L38\_7 (b) e L48\_7 (c) .....52

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	<b>10</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	<b>11</b>
2.1	PRODUÇÃO DE OVOS.....	11
2.2	PERÍODOS PARCIAIS OU TOTAL DE PRODUÇÃO.....	12
2.3	PARÂMETROS GENÉTICOS.....	14
2.4	COMPONENTES PRINCIPAIS.....	16
2.5	REGRESSÃO ALEATÓRIA.....	18
2.6	COMPARAÇÃO ENTRE MODELOS.....	20
	<b>ARTIGO 1 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA TAXA DE POSTURA ESTIMADOS POR DIFERENTES MODELOS PARA LINHAS PURAS DA RAÇA RHODE ISLAND RED</b> .....	<b>22</b>
	Resumo.....	23
	Abstract .....	24
	Introdução .....	25
	Material e métodos .....	26
	Resultados e discussão .....	28
	Conclusões.....	34
	Agradecimentos.....	35
	Referências bibliográficas .....	35
	<b>ARTIGO 2 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A TAXA DE POSTURA ESTIMADO POR MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVES DE LINHA PURA DA RAÇA RHODE ISLAND RED</b> .....	<b>39</b>
	Resumo.....	40
	Abstract .....	41
	Introdução .....	42
	Material e métodos .....	43
	Resultados e discussão .....	46
	Conclusões.....	52
	Agradecimentos.....	53
	Referências bibliográficas .....	53
<b>3</b>	<b>CONCLUSÃO</b> .....	<b>56</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>57</b>
	<b>APÊNDICE A – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE UNICARACTERÍSTICA PARA O PROGRAMA WOMBAT</b> .....	<b>63</b>
	<b>APÊNDICE B – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE MULTICARACTERÍSTICA PARA O PROGRAMA WOMBAT</b> .....	<b>64</b>
	<b>APÊNDICE C – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE MULTICARACTERÍSTICA PARA O TESTE DE COMPONENTE PRINCIPAL COM O PROGRAMA WOMBAT</b> .....	<b>65</b>
	<b>APÊNDICE D – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE DE REGRESSÃO COM O PROGRAMA WOMBAT</b> .....	<b>67</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A avicultura de postura possui grande importância no segmento comercial brasileiro e a atividade vem aumentando sua produção nos últimos anos (IBGE, 2017). O aumento na produção nos últimos anos é consequência de melhorias no manejo, na nutrição, na sanidade e na genética, e nos sistemas de acasalamento a qual tem possibilitando que aves de menor peso corporal sejam capazes de produzir ovos de maiores, sendo, portanto, importante às pesquisas relacionadas ao melhoramento genético destas aves (SOBRINHO; FONSECA, 2007).

Para um bom programa de melhoramento genético via seleção e otimização dos sistemas de acasalamento, visando o vigor híbrido, é necessário o conhecimento das variâncias genéticas, fenotípicas e de ambiente, além dos parâmetros genéticos (herdabilidade e correlação genética) de cada característica de interesse, com o objetivo de estimativa do potencial genético de cada ave candidata a seleção. Além disso, a estimativa do vigor híbrido ou heterose, no cruzamento de aves puras para a formação das matrizes, é determinante para decidir quais as características a ser selecionadas em cada linha de aves puras, de forma que haja uma complementariedade no processo de melhoramento e nos sistemas de acasalamento. Dessa forma, maximizando as vantagens de seleção para características de maior herdabilidade e do cruzamento entre linhas obtendo maior vigor híbrido, mantendo uma “chave genética” que permita a formação de um produto comercial com a composição genética e a qualidade desejada.

O parâmetro genético herdabilidade pode indicar qual o método de seleção a ser empregado, o de correlação genética entre uma característica e, como a seleção de uma pode influenciar as demais (SAVEGNAGO et al., 2011). A estimativa dos parâmetros genéticos para características que se repetem ao longo do tempo, denominados dados longitudinais, como a produção de ovos, pode ser feita por diversas metodologias, entre elas estão os modelos de repetibilidade, multicaracterística e de regressão aleatória (KIRKPATRICK et al., 1994).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar parâmetros genéticos (herdabilidade e correlação) para a taxa de postura de aves de linha pura da raça Rhode Island Red, medida em períodos parciais e total por meio de modelos univariado, multivariado e de regressão aleatória.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 PRODUÇÃO DE OVOS

A produção de ovos é a característica de maior importância para a seleção e melhoramento de aves de postura. Esta é uma característica quantitativa controlada por um grande número de pares de genes e muito influenciada pelo ambiente (FERREIRA et al., 2017). Desse modo em 1983 o Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves (CNPISA) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) iniciou um programa de melhoramento genético de aves para corte e posteriormente para postura (SILVA, 2008). O programa de melhoramento de aves de postura tem como objetivo a produção de híbridos comerciais resultante do cruzamento de aves da linhagem GG (fêmeas – Rhode Island Red), linhagem MM (machos – Rhode Island Red) e linhagem SS (Plymouth Rock Branca).

O esquema para desenvolvimento de material genético em aves de postura implica no desenvolvimento de linhagens por seleção, para diferentes características, visando os efeitos genéticos aditivos, e o posterior cruzamento para explorar a heterose e recuperar os efeitos de uma possível depressão causada pela endogamia (MARTINS, 2002).

A raça Rhode Island Red é utilizada na formação de linhagens para a criação agroecológica e industrial. Essas aves apresentam corpo em forma de bloco alongado com plumagem marrom podendo conter algumas penas pretas na cauda, pescoço e asas. Ao acasalar machos desta raça, portadores do gene “gold” (não barrado), com fêmeas geneticamente “silver” (barrado), é possível identificar o sexo do pintinho no primeiro dia de vida pela coloração da plumagem, o que torna essa raça bastante utilizada na produção de poedeiras comerciais autossexáveis (FIGUEIREDO et al., 2003).

O desenvolvimento sexual das aves é um evento que tem origem essencialmente genética, o sexo é determinado pela herança de cromossomos sexuais distintos (ZZ = macho, ZW = fêmea), sendo o cromossomo W determinante para a diferenciação sexual. O desenvolvimento gonadal ocorre por volta do 3º a 4º dia de desenvolvimento embrionário (HAMBURGER; HAMILTON, 1951; SMITH; SINCLAIR, 2004), e sua diferenciação ocorre por volta da 6º a 7º dia de desenvolvimento embrionário, envolvendo uma série de genes específicos (MORAIS

et al., 2012). Entretanto as aves atingem a maturidade sexual por volta da 18<sup>a</sup> e 23<sup>a</sup> semanas de idade (ÜNVER et al., 2002), e o início da postura ocorre devido ao amadurecimento do mecanismo de feedback entre ovário, pituitária e hipotálamo (ROBINSON et al., 1993).

O pico de produção de ovos ocorre em torno de 26<sup>o</sup> semana, seguido de uma tendência linear de queda lenta, tendendo a zero, até, aproximadamente, a 70<sup>o</sup> semana de idade (FIALHO; LEDUR, 1997; NARIC et al., 2017). A idade, em dias, em que a ave inicia o ciclo de produção define sua maturidade sexual e a intensidade do decréscimo de postura, a partir do pico, indica sua persistência de produção.

A produção de ovos pode ser medida em número absoluto ou como porcentagem de ovos produzidos ao longo de um determinado período (ANANG et al., 2002; LUO et al., 2007; VENTURINI et al., 2013). Para a avaliação da produção de ovos de aves de postura por meio de número de ovos, são consideradas apenas as colheitas de ovos realizadas durante cinco dias por semana, pois este período apresenta alta correlação linear com a produção semanal total (WHEAT; LUSH, 1961). Portanto, a produção observada em cinco dias da semana pode representar a produção semanal total.

## 2.2 PERÍODOS PARCIAIS OU TOTAL DE PRODUÇÃO

O estudo da produção de ovos pode ser feito no período total ou parcial de produção. O período total consiste da soma da produção ao longo de todo o período de postura da ave, já o período parcial é o fracionamento da produção em registros parciais (AL-SAMARAI et al., 2008). A produção de ovos pode ser avaliada em registros parciais que poderão ser agrupados semanalmente, em períodos de 15 dias ou mensalmente (ANANG et al., 2002). No entanto Fairfull e Gowe (1990) alertam para a necessidade em se ter prudência no uso de registros parciais muito curtos como critério básico para seleção.

A seleção para a característica produção de ovos quando feita precocemente tem como vantagem a redução do intervalo entre gerações. Outro fator importante a ser considerado é que quando a seleção é feita tendo como base a produção de ovos no período total, as aves selecionadas estarão com baixa eficiência reprodutiva (TEIXEIRA et al., 2013; SILVA et al., 2013).

Segundo Venturini et al. (2012), a seleção de aves de postura baseada no seu desempenho parcial tem como objetivo aumentar a produção total de ovos, visando também aumentar os ganhos genéticos por geração. Quando se avalia o período parcial, o número absoluto ou a porcentagem de ovos produzidos em um determinado período servem como avaliação da produção total de ovos. No entanto, os efeitos dos genes que se expressam após o período de produção avaliado deixam de ser considerados e estes podem estar associados à persistência de postura, pausas e choco.

De acordo com Al-Samarai et al. (2008), a avaliação da produção de ovos nos primeiros 3 ou 4 meses pode ser utilizada para prever a produção total. Contudo, é importante estimar os parâmetros genéticos, tanto para períodos parciais de produção de ovos como para a produção de ovos total, pois as estimativas de parâmetros genéticos para produção de ovos em poedeiras comerciais são inerentes a uma dada população e pode variar devido a diferenças na composição genética e gestão da população em questão.

Ao estimar coeficientes de herdabilidade para a produção de ovos em períodos parciais (mensais) e total (12 meses), para poedeiras da raça White Leghorn, Anang et al. (2000), encontraram valor elevado para o primeiro mês de produção (0,49), diminuindo a seguir, até atingir o menor valor no pico de produção (0,18). Segundo estes autores a correlação genética e fenotípica entre os meses reduziu à medida que o intervalo entre os meses aumentou, sendo que a maior correlação foi observada entre o oitavo mês de produção e a produção total.

Ao avaliar a produção de ovos em período parcial e total em uma linhagem de matrizes de frango de corte, Pacheco et al. (2010), verificaram que o período compreendido entre a 25<sup>a</sup> a 40<sup>a</sup> semana foi o que apresentou maior estimativa de herdabilidade (0,40) e, também, alta correlação genética (0,70) com o período total. Estes autores concluíram que a seleção de aves baseada neste período proporcionaria redução no intervalo entre gerações e aumento do ganho genético.

Segundo Cruz et al. (2016), a avaliação da produção de ovos em períodos parciais possibilita maior detalhamento da variabilidade genética do ciclo de postura de matrizes de corte, sendo que a maior eficiência em promover mudanças no período total de produção é obtida pela seleção a partir do sétimo mês.

Savegnago et al. (2011) consideraram vantajoso o uso de períodos parciais (17<sup>a</sup> a 30<sup>a</sup> e 1<sup>a</sup> a 40<sup>a</sup> semanas) em relação ao uso da produção total na seleção de

aves da raça White Leghorn, pois estes apresentaram melhores valores de herdabilidade. Por outro lado, os autores salientaram que a seleção pelo período parcial poderia reduzir a “idade ao primeiro ovo”, causando um aumento de frequência de ovos pequenos, além de não levar em consideração a expressão de genes relacionados a muda natural e persistência, que estão relacionados aos períodos finais de produção da ave.

### 2.3 PARÂMETROS GENÉTICOS

O melhoramento genético tem proporcionado ganhos contínuos para as características de produção em aves. Todavia, para que um programa de melhoramento genético seja eficiente, é necessário que o objetivo e os critérios de seleção sejam bem definidos. Para isto, são necessárias informações confiáveis a respeito dos parâmetros genéticos associados às características envolvidas, possibilitando um maior ganho genético com a seleção das linhas (VENTURINI, 2009).

Em estudos de genética quantitativa há necessidade de medir o fenótipo dos indivíduos para que por meio do uso de parâmetros genéticos possa se fazer inferência sobre o genótipo dos mesmos. Isso se faz por meio do estudo da variância total de cada uma das características e a partição desta.

A herdabilidade é um parâmetro genético que informa sobre o tipo de ação dos genes, e a correlação genética se estes são controladas, total ou parcialmente, pelo mesmo grupo de genes e, portanto, como a seleção de uma característica pode influenciar as demais (VENTURINI, 2012).

No estudo da curva de produção de ovos os dados de registros parciais são considerados longitudinais, ou seja, podem ser analisados no decorrer do tempo, (ANANG et al., 2000) e as estimativas dos parâmetros genéticos podem ser obtidas por meio de modelos de repetibilidade (WOLC et al., 2007), análises multicaracterísticas (PIRES et al., 2002; WOLC et al., 2008), regressão linear (AL-SAMARAI et al., 2008) ou aleatória (FIALHO; LEDUR, 1997; GROSSMAN et al., 2000). Entretanto, o melhor método de análise a ser utilizado, depende dos objetivos do pesquisador.

Szwaczkowski (2003) revisou as estimativas de herdabilidade e de correlação genética e fenotípica para a produção de ovos em aves de postura e verificou

grande variação, devido estas serem provenientes de várias populações em diferentes períodos e, também, das metodologias distintas aplicadas nas análises.

Coefficientes de herdabilidade para a taxa de produção de ovos para a raça White Leghorn foram revisados por Munari et al. (1992), os quais encontraram valores médios para os períodos totais de produção de  $0,24 \pm 0,05$  e para os parciais de  $0,25 \pm 0,16$ . Para duas linhagens desta mesma raça, Ledur et al. (1993) estimaram valores entre  $0,14 \pm 0,06$  e  $0,26 \pm 0,07$  e Wei e Werf (1993) observaram valores de herdabilidade variando de 0,31 a 0,43 em três linhagens. Também Venturini et al. (2013) ao estudar a produção de ovos de aves desta mesma raça estimaram herdabilidades variando de  $0,05 \pm 0,03$  a  $0,27 \pm 0,06$ . Os autores concluíram que os períodos iniciais são independentes e com baixa correlação genética com os outros períodos.

Luo et al. (2007) estudaram uma linhagem de frango de corte (L4) encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,16 a 0,54 para há primeira semana e a trigésima sétima semana de idade, respectivamente. Já Jafarnejad et al. (2017) ao estudar parâmetros genéticos de galinhas nativas Iranianas encontraram estimativas de herdabilidade de  $0,24 \pm 0,03$  para a característica número total de ovos (até 12 meses).

Wolc et al. (2012) ao estudar poedeiras de ovos de casca marrom, de raça pura obtiveram valor de herdabilidade para taxa de postura de 0,39 (até 38 semanas de idade). Segundo Szwaczkowski et al. (2006), em aves de postura (linhagem A88 e K66) as maiores estimativas de herdabilidade encontram-se no início (0,5) e final (0,3) do período de produção, tendo um considerável decréscimo durante o pico. A mesma tendência já havia sido observada por Anang et al. (2002).

É possível verificar que existe uma grande variabilidade nas estimativas dos coeficientes de herdabilidade para produção de ovos. O primeiro mês de produção costuma apresentar alta estimativa de herdabilidade, devido à alta variância genética da idade ao primeiro ovo. Porém, a seleção baseada no primeiro mês de produção, não seria eficiente para aumentar a produção total de ovos, devido à baixa correlação genética entre o primeiro mês e as produções seguintes (ANANG et al., 2000).

A seleção é frequentemente praticada em várias características simultaneamente, o que pode conduzir a consequências indesejáveis caso as correlações entre elas sejam antagônicas. Desta forma a estimativa de correlação

genética, fenotípica e de ambiente entre elas são importantes para a seleção animal (SILVA et al., 2013).

Venturini et al. (2012) ao avaliar a correlação genética entre os períodos total de produção de ovos e os períodos parciais em aves de postura da raça White Leghorn, encontraram valores que variaram de  $0,19 \pm 0,31$  a  $1,00 \pm 0,05$ . As maiores correlações foram encontradas para os períodos finais, por esse motivo a seleção baseada nos primeiros períodos não traria grandes vantagens para o melhoramento da produção total de ovos. Outros autores também encontraram comportamento semelhante entre a correlação genética de períodos parciais e totais de produção de ovos em galinhas poedeiras (ANANG et al., 2000; LUO et al., 2007; WOLC et al., 2007; VENTURINI et al., 2013).

Da mesma forma, Cruz et al. (2016) encontraram ampla magnitude entre as correlações genéticas das produções mensais de ovos (-0,12 a 0,96). Sendo que as produções anteriores ao pico de produção apresentaram baixa correlação com os demais períodos, porém, os períodos após o pico foram correlacionados entre si, o que possibilita obter ganhos genéticos como resposta indireta se a seleção for praticada com base nos fenótipos mensurados a partir do terceiro mês de produção.

## 2.4 COMPONENTES PRINCIPAIS

A análise de componentes principais (CP) tem como finalidade identificar os fatores que explicam a maior parte da variação. Esta consiste na transformação de um conjunto de variáveis originalmente correlacionadas, em um novo conjunto de variáveis, não correlacionadas entre si e que são combinações lineares das variáveis iniciais, eliminando assim as informações redundantes (KIRKPATRICK; MEYER, 2004).

A análise de CP é um método estatístico essencialmente descritivo. A técnica foi inicialmente proposta por Karl Pearson em 1901 (MORRISON, 1967), com o objetivo de apresentar em uma forma gráfica o máximo de informação contida em uma matriz de dados, visualizando assim as proximidades entre os indivíduos e os vínculos entre as variáveis. As variáveis devem caracterizar da melhor forma possível os fenômenos que se pretende estudar, ou seja, simplificar os dados pela redução do número de variáveis (DROESBEKE; FINE, 1995).

Essa técnica matemática da análise multivariada possibilita investigações com um grande número de dados. Possibilita, também, a identificação das medidas responsáveis pelas maiores variações entre os resultados, sem perdas significativas de informações. Além disso, transforma um conjunto original de variáveis em outro conjunto: os CP de dimensões equivalentes. Porém essa redução só será possível se as variáveis iniciais não forem independentes e possuírem coeficientes de correlação não nulos (VICINI; SOUZA, 2005).

Contudo, as combinações lineares de variáveis aleatórias ou estatísticas das análises de componentes principais possuem propriedades especiais, em termos de variâncias. Entre essas propriedades especiais, destaca-se o fato de que o primeiro componente principal possui a máxima variância, tendo o segundo a segunda maior variância e, assim, sucessivamente, de forma que o máximo de informação, em termos de variação total, esteja contido nos primeiros componentes. Além disso, os CP são independentes entre si (VARELLA, 2008).

A análise de CP tem a finalidade de substituir um conjunto de variáveis correlacionadas por um conjunto de novas variáveis não correlacionadas, sendo essas, combinações lineares das variáveis iniciais, colocadas em ordem decrescente por suas variâncias,  $VAR CP1 > VAR CP2 > \dots > VAR CPp$  (VICINI; SOUZA, 2005). Esse novo conjunto de variáveis, não correlacionadas entre si e que são combinações lineares das variáveis iniciais, permitindo eliminar as informações redundantes com perda mínima de informações (HAIR et al., 2009).

Portanto, para a determinação dos CP, é necessário calcular a matriz de variância-covariância ( $\Sigma$ ) ou a matriz de correlação (R), encontrar os autovalores e os autovetores e, por fim, escrever as combinações lineares que serão as novas variáveis, denominadas de CP. Cada CP é uma combinação linear de todas as variáveis originais, independentes entre si e estimadas com o propósito de reter nos primeiros componentes estimados, as maiores frações da variabilidade total disponível (REGAZZI, 2002).

A análise de CP tem sido proposta com a finalidade de diminuir a demanda computacional exigida no processo de estimação de grande número de componentes de covariância simultaneamente na análise multivariada (MEYER, 2007), tendo como objetivo a redução da dimensionalidade (DORNELLES et al., 2015), tornando a análise mais parcimoniosa e simplificando as análises subsequentes (BROWNE; MCNICHOLAS, 2015).

Segundo Silva et al. (2013) a estimativa de parâmetro genético por análise multicaracterística pode ser complicada devido ao grande número de parâmetros calculados. Sendo assim a estimativa de componentes principais tem várias vantagens sobre o uso de todos os componentes genéticos, pois, facilita a rotina de análise por reduzir o número de análises feitas simultaneamente (MEYER; KIRKPATRICK, 2005).

## 2.5 REGRESSÃO ALEATÓRIA

Existem várias metodologias diferentes para análise de dados longitudinais, entre elas estão os modelos de repetibilidade, os multicaracterística e os de regressão aleatória (MRA). O modelo de repetibilidade pressupõe correlação igual a um entre os pares de registros de um mesmo animal, e esses registros são conhecidos como expressão de uma mesma característica, portanto, controlada pelos mesmos genes (KIRKPATRICK et al., 1994).

O modelo multicaracterística, por sua vez, pressupõe correlação genética diferente entre os registros, considerando cada registro como uma característica diferente. Os modelos multicaracterística fornecem predição de parâmetros genéticos em determinados pontos ou idades pontuais (TEIXEIRA, 2009). Neste modelo as covariâncias entre as produções variam e as correlações podem ser negativas, porém esse tipo de análise não estruturada torna a análise lenta exigindo muita memória, dessa forma, esse modelo só produzirá estimativas acuradas caso o número de indivíduos analisados for grande, com pequeno número de medidas repetidas (MEYER; HILL, 1997).

O MRA, no entanto, pressupõe que todos os registros do mesmo animal se referem a uma mesma característica, porém assumindo correlações genéticas diferentes, considerando que o caráter em questão, possa mudar com o passar do tempo. Esse modelo permite o ajuste de curvas de produção aleatórias para cada animal, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de animais (BONAFÉ et al., 2011).

O MRA permite a obtenção de parâmetros genéticos em qualquer idade dentro do intervalo considerado (SOUSA JÚNIOR et al., 2010). Tendo como grande benefício à estimativa de herdabilidade e valores genéticos em idades em que não haja informações dos animais.

A aplicação mais conhecida de MRA tem como objetivo avaliar características repetidas ao longo da vida do animal como a avaliação genética de gado leiteiro usando registros de produção de leite no dia do controle (SCHAEFFER, 2004; PELMUS et al., 2017), outras aplicações incluem dados de crescimento em todas as espécies, interações genótipo e meio ambiente e análise de dados de sobrevivência além de dados de fertilidade (CHIAIA et al., 2015; HAILE-MARIAM et al., 2015; ROVADOSCKI et al., 2016). Recentemente a possibilidade de sua utilização para traços longitudinais em aves foi demonstrada em vários estudos (WOLC; SZWACZKOWSKI, 2009; FARZUN et al., 2013; WOLC et al., 2013; GUO et al., 2015; MOOKPROM et al., 2016).

Em MRA as regressões são ajustadas em função do período de produção utilizando-se polinômios ordinários ou outras funções lineares e modelam trajetórias para a média populacional (regressões fixas) e para cada animal (regressões aleatórias). Adicionalmente, fornecem estimativas de parâmetros genéticos para qualquer ponto da curva de produção de ovos no intervalo em que as medidas foram obtidas. A predição destes valores para produção de ovos é de grande importância econômica e deve ser considerada no processo de seleção das aves de postura (VENTURINI, 2012).

A utilização de MRA requer o uso de uma função para a descrição dos efeitos fixos e aleatórios que atuam sobre as características. Essa função pode ser ortogonal, paramétrica ou de covariância (COBUCI et al., 2004); no entanto os polinômios ortogonais de Legendre tem sido a função mais usada pelos autores.

Os polinômios ortogonais de Legendre são utilizados em vários trabalhos como função contínua e podem requerer ordens de ajuste diferentes para cada efeito aleatório contido no modelo. Dessa forma, o desconhecimento da ordem de ajuste mais apropriada para a função empregada, pode influenciar erroneamente a partição da variância fenotípica, nas variâncias atribuídas aos efeitos incluídos no modelo (SARMENTO et al., 2010).

Diversos autores (KRAMIS et al., 2007; LUO et al., 2007; WOLK; SZWACZKOWSKI, 2009; PACHECO et al., 2011; VENTURINI et al., 2012; FARZIM et al., 2013) estudaram diferentes ordens do polinômio de Legendre para modelar a curva de produção de ovos, variando de 1 a 4 para efeito genético aditivo e de 1 a 9 para efeito de ambiente permanente. Segundo Schaeffer (2004), a escolha de

polinômios de mesma ordem para efeito genético e ambiente permanente é feita para simplicidade de computação.

Primeiramente os MRA consideravam a estrutura de variância de resíduo homogênea (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997), o que aliado a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente ocasiona a superestimava da variância genética aditiva. A modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, no entanto, proporciona aumento no número de parâmetros estimados, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Modelos mais parcimoniosos têm sido propostos no estudo da produção de ovos, com número reduzido de classes de variâncias advindo do agrupamento de classes que contêm variações semelhantes (VENTURINI et al, 2012; POURTAHMASEBIAN AHRABI et al, 2015).

Venturini et al. (2012) consideraram mais adequado o uso de modelo com cinco classes residuais, Farzin et al. (2013) por sua vez consideraram 8 classes de resíduo heterogêneo como o mais adequado para estudar a produção de ovos utilizando MRA.

Guo et al. (2015) consideraram mais adequado o uso de 10 classes residuais no estudo da qualidade da casca de ovos de poedeiras da raça White Leghorn e Bonafé et al. (2011) consideraram sete classes residuais o mais adequado para modelar a curva de crescimento em codornas de corte a partir de polinômios ortogonais de Legendre, utilizando MRA.

Outros autores consideram o uso de resíduo homogêneo adequado (WOLC; SZWACZKOWSKI, 2009; PACHECO et al., 2012 e TEIXEIRA et al., 2012) em consequência de que as informações em seus bancos de dados apresentaram variâncias residuais mais uniformes ao longo do período de avaliação. Portanto a escolha do número de classes residuais a ser usados para no MRA vai depender das características de cada banco de dados a ser analisado.

## 2.6 COMPARAÇÃO ENTRE MODELOS

A definição do melhor modelo a ser usado dependerá de testes estatísticos, estimação de parâmetros genéticos e de valores genéticos (BONAFFÉ et al., 2011; DORNELLES et al., 2015; POURTAHMASEBIAN AHRABI, 2015). Os testes

estatísticos mais usados para avaliar a qualidade de ajuste dos modelos são: o valor do logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança (Log L); o critério de informação de Akaike (AKAIKE, 1973): descrito como:  $AIC = -2 \log L + 2p$ ; e o critério de informação Bayesiano (SCHWARZ, 1998):  $BIC = -2 \log L + p \log(N - r)$ , em que:  $p$  é o número de parâmetros do modelo;  $N$ , o número total de observações;  $r$ , o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos e  $\log L$ , o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita. O AIC e o BIC permitem a comparação entre os modelos não hierárquicos e penalizam aqueles com maior número de parâmetros. Segundo esses critérios, o melhor modelo é aquele com menor valor de AIC, BIC (DORNELLES et al., 2015).

Adicionalmente são utilizados outros testes como o teste da razão de verossimilhança – LRT (RAO, 1973). A estatística LRT é obtida pela seguinte expressão:  $LRT_{ij} = 2 \log L_i - 2 \log L_j$ , em que  $\log L_i$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo  $i$ , e  $\log L_j$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo  $j$ . A estimativa LRT é comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com  $d$  graus de liberdade e nível de significância de 1%, em que  $d$  é a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos completo e reduzido. Neste caso se  $LRT > X^2$  tabelado a 1% o teste será significativo e os modelos considerados diferentes (BONAFFÉ et al., 2011).

No intuito de sanar problemas com resultados conflitantes entre os diferentes testes é possível ainda fazer uso de índices que englobem diversos critérios estatísticos, como o utilizado por Dornelles et al. (2016): Índice =  $|\log L| + AIC + BIC +$  número de parâmetros.

Esses testes tendem a indicar o modelo mais complexo como o de melhor ajuste aos registros de produção. Nesse sentido alguns pesquisadores tem utilizado autovalores e auto vetores das matrizes de covariância dos efeitos aditivo genético e de efeito permanente para testar a qualidade de ajuste (TAKMA; AKBAS, 2009; BONAFÉ et al., 2011; ÇANKAYA et al., 2014) Cada autovalor é responsável por uma proporção da variação total existente e, quanto maior essa proporção, maior a variação genética relacionada ao autovalor (KIRPATRICK et al., 1990).

## **ARTIGO 1**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA TAXA DE POSTURA ESTIMADOS POR  
DIFERENTES MODELOS PARA LINHAS PURAS DA RAÇA RHODE ISLAND RED**

## PARÂMETROS GENÉTICOS PARA TAXA DE POSTURA ESTIMADOS POR DIFERENTES MODELOS PARA LINHAS PURAS DA RAÇA RHODE ISLAND RED

**Resumo:** O objetivo neste estudo foi estimar parâmetros genéticos para a taxa de postura de aves de linha pura da raça Rhode Island Red em períodos parciais e total, bem como avaliar a possibilidade de uso de modelo de posto reduzido na avaliação genética de aves de postura. Os dados utilizados foram cedidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA) e foram coletados no programa de melhoramento de aves de ovos de casca marrom, Linhagem GG, entre os anos de 1992 e 2013. A produção de ovos foi avaliada por meio da taxa de produção de ovos, composta por 7.087 registros colhidos no período de 19ª até as 70ª semanas de idade. As produções de ovos foram divididas em 13 períodos parciais de 4 semanas (PO1 a PO13). Também foram agrupados outros 4 períodos acumulados (P1 a Ptotal) compreendendo produção de ovos da 19ª a 30ª semana (P1), da 19ª a 42ª semana (P2), da 19ª a 54ª semana (P3) e da 19ª a 70ª semana de vida (Ptotal). Para a análise de componentes principais foram consideradas os períodos de PO2 a PO11. Para análise em modelo animal uni e multicaracterística, utilizou-se o programa computacional Wombat. As estimativas de herdabilidade foram 0,39, 0,11, 0,15 para os períodos parciais P1, P2 e P3 respectivamente e 0,07 para Ptotal. As correlações genéticas entre os períodos P1xPtotal, P2xPtotal e P3xPtotal foram respectivamente 0,18, 0,53 e 0,99 com o maior valor de eficiência relativa de seleção (1,45) para o período P3. Na análise de modelo de posto reduzido, o modelo ajustado para os dois primeiros componentes principais (CP2), foi o que proporcionou o melhor ajuste. As estimativas de (co)variância genética aditiva, residual e herdabilidade foram semelhantes para os modelos univariado (UNI), multivariado de posto completo (MC), ajustando os quatro primeiros componentes principais (CP4) e os dois primeiros componentes principais (CP2). As estimativas de herdabilidade para o modelo CP2 variando de 0,10, (PO3) a 0,26 (PO7). Com base nestes resultados, conclui-se que a seleção de aves baseada na produção de ovos até a 54ª semana de idade possui alta correlação genética com a produção total de ovos, podendo ser usada no programa de melhoramento genético de aves de linha pura da raça Rhode Island Red. Da mesma forma os resultados indicam que a estrutura de covariância genética para taxa de postura pode ser ajustada utilizando um modelo de posto reduzido contendo dois componentes principais.

**Palavras-chave:** Correlação Genética. Herdabilidade. Posto Reduzido. Produção de Ovos.

## **GENETIC PARAMETERS FOR POSTURE RATE ESTIMATED BY DIFFERENT MODELS FOR PURE LINES OF RHODE ISLAND RED BREED**

**Abstract:** The objective of this study was to estimate genetic parameters for the Rhode Island Red bird posture rate in partial and total periods, as well as to evaluate the possibility of using a reduced rank model in the genetic evaluation of laying birds. The data used were provided by the National Center for Research on Pigs and Swine of the Brazilian Agricultural Research Corporation (CNPQA/EMBRAPA) and were collected in the Breeding Program for Brown Eggs, GG Lineage, between 1992 and 2013. Egg production was evaluated using the egg production rate, composed of 7,087 records collected from the 19th to the 70th weeks of age. The egg production was divided into 13 partial periods of 4 weeks (PO1 to PO13). Another four accumulated periods (P1 to Ptotal) were grouped, comprising egg production from the 19th to the 30th (P1), the 19th to the 42nd (P2), the 19th to the 54th (P3) and the 19th to the 70th week of life (Ptotal). For the analysis of main components, the periods from PO2 to PO11 were considered. For analysis in a uni and multivariate animal model, we used the Wombat computer program. Heritability estimates were 0.39, 0.11, 0.15 for the partial periods P1, P2 and P3 respectively and 0.07 for Ptotal. Genetic correlations between the periods P1xPtotal, P2xPtotal and P3xPtotal were respectively 0.18, 0.53 and 0.99 with the highest result and relative selection efficiency (1.45) for the period P3. In the analysis of the reduced position model, the adjusted model for the first two main components (CP2) was the one that provided the best fit. The additive, residual and heritability genetic (co) variance estimates were similar for the univariate (UNI), multi-feature full rank (MC) models, adjusting the first four major components (CP4) and the first two main components (CP2). Heritability estimates were 0.39, 0.11, 0.15 for the partial periods P1, P2 and P3 respectively and 0.07 for Ptotal. Genetic correlations between the periods P1xPtotal, P2xPtotal and P3xPtotal were respectively 0.18, 0.53 and 0.99 with the highest selection relative efficiency (1.45) for the period P3. In the analysis of the reduced position model, the adjusted model for the first two main components (CP2) was the one that provided the best fit. The additive, residual and heritability genetic (co) variance estimates were similar for the univariate (UNI), multi-feature full rank (MC) models, adjusting the first four major components (CP4) and the first two main components (CP2). Heritability estimates for model CP2 ranging from 0.10, (PO3) to 0.26 (PO7). Based on these results, it was concluded that the selection of birds based on the production of eggs up to the 54th week of age has a high genetic correlation with the total egg production and can be used in the breeding program of purebred Rhode Island Red. Likewise the results indicate that the genetic covariance structure for posture rate can be adjusted using a reduced rank model containing two major components.

**Keywords:** Genetic Correlation. Heritability. Reduced Rank. Egg Production.

## Introdução

A produção de ovos é uma característica de grande importância econômica na avicultura comercial. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para essa característica podem ajudar a selecionar aves de melhor desempenho, direcionar acasalamentos, adequar o ambiente e o manejo nutricional buscando a maior produtividade (YAN et al., 2015). Do mesmo modo a seleção de aves baseada na produção parcial de ovos proporciona a redução no intervalo entre gerações, aproveitando a fase de maior eficiência reprodutiva, podendo aumentar a intensidade de seleção e reduzir custos de produção. (AL-SAMARAI et al., 2008; TEIXEIRA et al., 2013; VENTURINI et al., 2013).

Os registros parciais de produção de ovos podem ser considerados dados longitudinais, dessa forma a estimativa dos parâmetros genéticos pode ser obtida por meio de diferentes modelos, entre elas estão os modelos unicaracterística, os quais pressupõe correlação igual a um entre os pares de registros de um mesmo animal, e esses registros são conhecidos como expressão de uma mesma característica, portanto, controlada pelos mesmos genes (KIRKPATRICK et al., 1994). O modelo multicaracterística, por sua vez, pressupõe correlação genética diferente entre os registros, considerando cada registro como uma característica diferente, fornecendo predição de parâmetros genéticos em determinados pontos ou idades pontuais (TEIXEIRA; 2009). Deste modelo as covariâncias entre as produções variam e as correlações podem ser negativas, tornando a análise lenta e exigindo muita memória computacional (MEYER; HILL, 1997).

A análise de componentes principais tem sido proposta com a finalidade de diminuir a demanda computacional exigida no processo de estimação de grande número de componentes de covariância simultaneamente na análise multivariada (MEYER, 2007). Essa análise tem como objetivo a redução da dimensionalidade (DORNELLES et al., 2015), tornando a análise mais parcimoniosa (BROWNE; MCNICHOLAS, 2014). Esta consiste na transformação de um conjunto de variáveis originalmente correlacionadas, em um novo conjunto de variáveis, não correlacionadas entre si, e que são combinações lineares das variáveis iniciais, eliminando desta forma as informações redundantes com perda mínima de informações (HAIR et al., 2009).

Este trabalho teve como objetivo estimar coeficientes de herdabilidade para a taxa de produção de ovos em períodos parciais e total, bem como as correlações genéticas entre elas, assim como, verificar a possibilidade do uso de um modelo de posto reduzido para avaliar geneticamente aves de linha pura da raça Rhode Island Red.

## **Material e métodos**

O estudo foi realizado utilizando dados do Programa de Melhoramento de Aves de Ovos de Casca Marrom, de linha pura da raça Rhode Island Red (RIR), Linhagem GG, coletados entre os anos de 1992 e 2013, no Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), situado no município de Concórdia, estado de Santa Catarina.

As aves foram selecionadas com o objetivo principal de aumentar o peso do ovo, objetivando cruzamentos posteriores. Ao nascer, as aves foram anilhadas para identificação e depois alojadas individualmente em gaiolas contendo comedouro tipo calha e bebedouro automático tipo *nipple*, até o final da produção de ovos. Para evitar endogamia foram feitos acasalamentos dirigidos.

O arquivo de trabalho ficou composto por 7.087 registros de produção de ovos coletados de segunda a sexta-feira. A produção de ovos foi avaliada individualmente por meio de taxa de postura colhidos no período de 19<sup>a</sup> até as 70<sup>a</sup> semanas de idade. A produção de ovos foi dividida em 13 períodos parciais de 4 semanas (PO1 a PO13) considerando da 19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> (PO1), da 23<sup>a</sup> a 26<sup>a</sup> (PO2) e assim sucessivamente até 67<sup>a</sup> a 70<sup>a</sup> semanas de vida (PO13). Também foram agrupados outros 4 períodos acumulados (P1 a Ptotal), compreendendo produção de ovos da 19<sup>a</sup> a 30<sup>a</sup> (P1), da 19<sup>a</sup> a 42<sup>a</sup> (P2), da 19<sup>a</sup> a 54<sup>a</sup> (P3) e da 19<sup>a</sup> a 70<sup>a</sup> semana de vida (Ptotal). Para a análise de componentes principais foram consideradas apenas os períodos de PO2 a PO11 devido à dificuldade de convergência da análise multivariada.

Foram constituídos 15 grupos de contemporâneos (GC) de acordo com a geração de nascimento das aves. Foram excluídos os reprodutores com produções superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrões em relação à média dentro de cada GC, assim como animais com produção incompleta ou que morreram durante o período de postura.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para a taxa de produção de ovos nos períodos PO1 a PO13 foram estimados utilizando um modelo animal unicaracterística; nos períodos acumulados (P1 a Ptotal) foram estimados utilizando um modelo animal multicaracterística, e para a análise de componente principal foi considerado um modelo multicaracterística padrão (MC) e cinco modelos de posto reduzido (CP1 a CP5) ajustando os primeiros componentes principais para efeito genético aditivo direto através do *software* Wombat (MEYER, 2006).

As taxas de produção de ovos foram analisadas em função do efeito fixo de GC, e dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. O modelo de forma matricial pode ser descrito como:  $y = Xb + Za + e$ , em que:  $y$  é o vetor da taxa de postura (PO1 a PO13, P1, P2, P3 e Ptotal);  $b$  vetor de solução para o efeito fixo (GC);  $a$  vetor de solução para os efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;  $X$  e  $Z$  matrizes de incidência, para os efeitos fixos e aleatórios do animal, respectivamente, e  $e$  é o vetor de efeito aleatório residual.

A eficiência relativa de seleção (ERS) refere-se à eficiência da resposta em uma característica, tendo a outra como critério de seleção foi calculada segundo Falconer (1987), para os períodos parciais (P1, P2 e P3) tendo como referência o período total de produção (Ptotal).

$$ERS = \frac{r_{pt} \sqrt{h^2p}}{\sqrt{h^2t}}$$

Em que:  $r_{pt}$  é a correlação genética entre o período total e o parcial,  $h^2p$  é a herdabilidade para o período parcial e  $h^2t$  é a herdabilidade para o período total.

Os modelos foram comparados pelo critério de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1998). Estes critérios permitem a comparação entre modelos não hierárquicos, penalizando aqueles com maior número de parâmetros, sendo o BIC o mais rigoroso e são calculados conforme segue:  $AIC = -2 \log L + 2p$  e  $BIC = -2 \log L + p \log(N - r)$ , em que:  $p$  é o número de parâmetros do modelo,  $N$  o número total de observações,  $r$  o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos e  $\log L$  o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita. Segundo esses critérios, o melhor modelo é aquele com menor valor para AIC e BIC.

## Resultados e discussão

A taxa de postura apresentou o comportamento esperado (Tabela 1), com valores mais baixos e maior coeficiente de variação no início do período (PO1). O início da produção está relacionado à maturidade sexual das aves, a qual varia conforme a herança genética recebida e ocorre entre a 18ª e a 23ª semanas de idade (ÜNVER et al., 2002). De acordo com Robinson et al. (1993), o início da postura ocorre devido ao amadurecimento do mecanismo de feedback entre ovário, pituitária e hipotálamo. Além do componente genético, a maturidade sexual também é influenciada por fatores ambientais, não ocorrendo, de maneira uniforme nas aves (FERREIRA et al., 2014), determinando, portanto, níveis diferentes de maturidade sexual nesta fase.

A maior taxa de produção de ovos ocorreu no período PO3 (27 a 30 semanas), sofrendo uma redução a partir deste ponto (Tabela 1). Estes dados estão de acordo com Takata et al. (2001), que afirma que o pico de postura ocorre entre a 28 a 35 semanas de idade da ave e decresce lentamente a partir deste ponto. Nos períodos finais é possível observar ainda um aumento no coeficiente de variação e uma redução no número de aves, o que indica o final da vida produtiva e diferentes persistências de postura (NARIC et al., 2014).

Para os períodos acumulados, P1, P2, P3 e Ptotal (Tabela 2) as herdabilidades reduziram, gradativamente, de 0,39 (19ª a 30ª semana) a 0,07 (19ª a 70ª semana). Esse comportamento pode ser atribuído a grande influência da idade das aves sobre o valor da estimativa de herdabilidade para a característica taxa de produção de ovos, pois em dados acumulados a magnitude da variância genética tende a diminuir com a idade, aumentando a relação da variância residual em relação à variância genética (JOHN-JAJA et al., 2016).

Estes valores são semelhantes aos encontrados por Cruz et al. (2016), que estimaram os maiores valores de herdabilidade (0,35) para o período acumulado inicial (25 até 30 semanas), decrescendo nos demais períodos até 0,17 (25 até 50 semanas) com herdabilidade para produção total até 64 semanas de 0,19. Da mesma forma Savegnago et al. (2011) estimaram os maiores valores de herdabilidade (0,29) para o período acumulado inicial (17ª a 30ª semanas), decrescendo (0,25) para o período subsequente (17ª a 40ª semanas) e chegando a 0,15 para o período total até as 70 semanas.

Tabela 1 – Número de observações (N<sup>o</sup>), médias, desvios-padrão (DP), coeficientes de variação (CV), número de grupos de contemporâneos (GC) para os períodos de 4 semanas (PO1 a PO13) e para os períodos acumulados (P1 a Ptotal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

Característica	Semanas	N <sup>o</sup>	Média (%)	DP (%)	CV	GC
PO1	19 a 22	5797	36,61	22,01	60,12	15
PO2	23 a 26	6244	65,16	11,77	18,06	14
PO3	27 a 30	6244	66,61	6,28	9,43	14
PO4	31 a 34	6244	66,18	6,12	9,25	14
PO5	35 a 38	6244	65,20	6,38	9,79	14
PO6	39 a 42	6244	63,43	7,10	11,19	14
PO7	43 a 46	6244	62,21	7,48	12,02	14
PO8	47 a 50	6244	60,23	7,63	12,67	14
PO9	51 a 54	6244	58,84	8,34	14,17	14
PO10	55 a 58	6244	57,80	8,98	15,54	14
PO11	59 a 62	6244	51,91	15,27	29,42	14
PO12	63 a 66	5529	50,56	12,46	24,64	12
PO13	67 a 70	3918	47,05	14,50	30,81	10
P1	19 a 30	7087	52,27	10,86	20,77	15
P2	19 a 42	7087	57,86	7,28	12,58	15
P3	19 a 54	7087	57,89	7,23	12,49	15
Ptotal	19 a 70	7087	53,84	8,81	16,36	15

Tabela 2 – Estimativa de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ), fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) e herdabilidade (h<sup>2</sup>) e pelo modelo multicaracterístico nos períodos totais e parciais, para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

Característica	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	h <sup>2</sup>
P1	44,86	67,88	112,75	0,39
P2	5,83	45,31	51,15	0,11
P3	7,66	43,60	51,27	0,15
Ptotal	4,78	64,13	68,91	0,07

As estimativas de correlação genética foram crescentes do período P1 x Ptotal (0,18) ao período P3 x Ptotal (0,99) (Tabela 3). Baixa correlação genética entre os períodos P1 x Ptotal e P2 x Ptotal, indica que os genes responsáveis pela produção de ovos nestes períodos estão em grupos diferentes, e a seleção baseada nos períodos P1 e P2 traria pouco ganho para a produção total de ovos.

Tabela 3 – Estimativa de correlação genética ( $r_g$ ), ambiente ( $r_e$ ), fenotípica ( $r_p$ ) entre os períodos parciais acumulados (P1, P2 e P3) e o período total (Ptotal) e eficiência relativa da seleção (ERS), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

Característica	$r_g$	$r_e$	$r_p$	ERS
P1 x Ptotal	0,18	-0,02	0,01	0,42
P2 x Ptotal	0,53	0,00	0,05	0,66
P3 x Ptotal	0,99	-0,05	0,06	1,45

O período acumulado P3 (19<sup>a</sup> a 54<sup>a</sup> semana) foi o que apresentou o maior e ERS (1,45), e se a seleção fosse praticada neste período reduziria em até 16 semanas o intervalo entre gerações. Os demais períodos, nos quais a ERS não ultrapassou uma unidade, não devem ser usados como critérios de seleção em detrimento de Ptotal. A vantagem em se utilizar a eficiência relativa de seleção está na possibilidade de comparar o ganho genético em uma característica utilizando a resposta correlacionada em outra e se a razão for maior que 1,0, a resposta correlacionada é favorável e o ganho genético será maior que a seleção direta na característica principal (TEIXEIRA et al., 2013). Dessa forma a seleção de aves considerando a produção de ovos até a 54<sup>a</sup> semana seria o mais indicado para ser usado visando o ganho na produção total (Ptotal).

Também Venturini et al. (2013), encontraram valores de correlação genética de baixa magnitude (0,42) entre o primeiro período de produção (20 a 22 semanas) e a produção no período total. Por sua vez, Savegnago et al. (2011) estimaram alta correlação genética entre períodos de produção parcial e total (0,67, 0,82, 0,94 e 0,92) em todos os períodos avaliados (17 a 30, 17 a 40, 30 a 70 e 40 a 70 semanas respectivamente). No entanto, segundo os autores os registros da produção de ovos nos períodos parciais são partes integrantes do período total, podendo causar superestimativa da correlação entre estes, além disso, a seleção baseada no período inicial ignorar a ação de genes de expressão tardia.

Segundo a análise de componentes principais os modelos de posto reduzido CP2 e CP4 foram os que promoveram melhor ajuste de acordo com AIC e BIC (Tabela 4). No modelo CP2, a redução do número de variáveis explicativas para 2 componentes proporcionou redução de 36 parâmetros em relação ao modelo completo (MC) e apresentou menor valor de BIC; o modelo CP4 promoveu a redução de 21 parâmetros em relação ao MC e apresentou menor valor de AIC. A

metodologia de componentes principais é uma forma complementar de análise das (co)variâncias, proporcionando a adoção de modelos de posto reduzido, parcimoniosos, com menos parâmetros a serem estimados, além de redução na demanda computacional (KIRKPATRICK; MEYER, 2004; MEYER, 2005; SAVEGNAGO et al., 2011).

A proporção da variância genética aditiva explicada por cada autovalor referentes à matriz de covariância genética aditiva, obtidos pelo modelo completo (MC) foi: 72, 20, 5 para  $\lambda_1$ ,  $\lambda_2$  e  $\lambda_3$  respectivamente, explicando a maior parte da variância (97%). Resultados semelhantes foram observados para os modelos CP2 e CP4 (Tabela 4), sendo os três primeiros autovalores responsáveis por explicar 100 e 98% respectivamente da variação genética total. Estes valores estão de acordo com os esperados para essa análise, sendo que os primeiros componentes principais devem explicar, pelo menos, 90% da variação total dos dados (MARDIA et al., 1997). Segundo Kirkpatrick e Meyer (2004) dependendo da magnitude de correlação genética, um pequeno subconjunto de componentes principais geralmente é suficiente para capturar a maior parte da variação genética.

Tabela 4 – Número de parâmetros (NP), função de verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiana de Schwarz (BIC) e proporção de variância genética aditiva ( $\lambda$ , em %) explicada pelos três primeiros autovalores para os modelos de posto completo (MC) e para os de posto reduzido (CPn), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

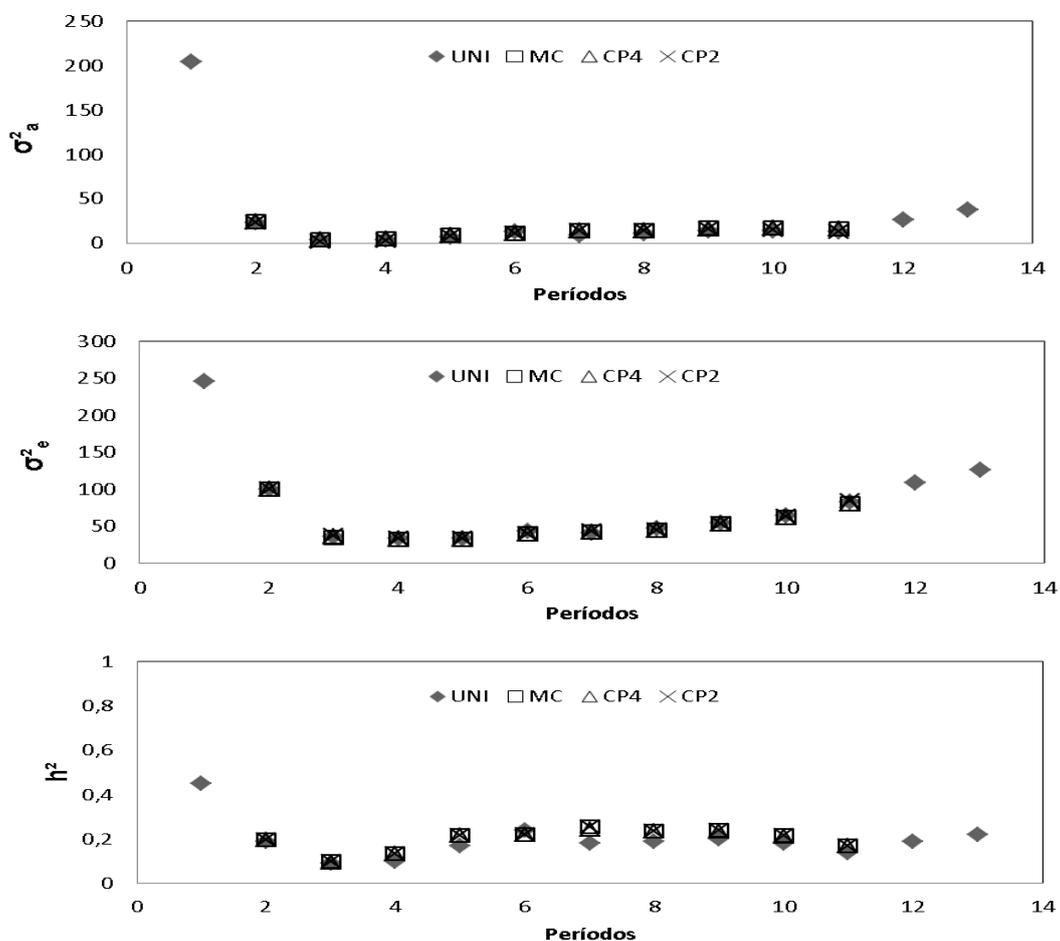
Modelos <sup>1</sup>	NP	Log L	AIC	BIC	$\lambda_1$	$\lambda_2$	$\lambda_3$
CP1	65	-151218	302568	303155	100	00	00
CP2	74	-151146	302440	<b>303109</b>	79	21	00
CP3	82	-151121	302406	303147	74	21	05
CP4	89	-151114	<b>302405</b>	303210	73	20	05
CP5	95	-151108	302407	303265	72	20	05
MC	110	-151107	302434	303429	72	20	05

<sup>1</sup>CPn = modelo ajustando n componentes principais; MC = modelo multicaracterísticas de posto completo.

As variâncias genética ( $\sigma_a^2$ ) de ambiente ( $\sigma_e^2$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ) foram muito semelhantes para os Modelos Univariado (UNI), Modelo Completo (MC), e de Posto Reduzido (CP4 e CP2) (Figura 1). Ao avaliar as variâncias para os períodos de produção de ovos é possível observar que as mesmas foram mas altas para o período inicial (PO1) 204,29, 245,49 ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_e^2$  pelo modelo UNI, respectivamente)

reduzindo gradativamente até o período PO3, e aumentando novamente a partir de então. A alta variância no início e final da vida produtiva podem ser atribuído, respectivamente, a diferença na idade ao primeiro ovo e a diferentes persistências ao final do período de postura (BONAFÉ et al., 2011). As mais baixas estimativas de variância genética (3,41; 3,96; 3,73 e 1,86 pelos os modelos UNI, MC, CP4 e CP2 respectivamente) coincide com o período de maior produção de ovos (PO3), indicando que o período atribuídos ao pico de produção das aves, possui baixa variação genética, que é a porção da variabilidade fenotípica que é herdável e, portanto, que se transmite de uma geração para outra.

Figura 1 – Variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ambiente ( $\sigma_e^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) estimadas usando o Modelo Univariado (UNI), Modelo Multicaracterístico de Posto Completo (MC), Modelo Ajustando os Quatro Primeiros Componentes Principais (CP4) e os Dois Primeiros Componentes Principais (CP2), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red



As estimativas de herdabilidade foram muito semelhantes para os 4 modelos (UNI, MC, CP4 e CP2) (Figura 1), variando de 0,45 para PO1 (19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> semana) a 0,10, para PO3 (27<sup>a</sup> a 30<sup>a</sup> semana), sendo que o período em que foi observada as maiores taxas de postura, foi o que apresentou a menor estimativa de herdabilidade, desse modo não sendo indicado a seleção de aves com base nas produções de pico.

Altas estimativas de herdabilidade para os períodos iniciais podem ser atribuídas a variabilidade genética existente para a característica maturidade sexual, o que implica em idades diferentes ao primeiro ovo, podendo contribuir para seleção mais precoce (SABRI et al., 1999). No entanto, a baixa correlação genética entre os períodos antes do pico e o período total de produção de ovos faz com que a seleção de aves baseada nos primeiros meses de produção não traga ganhos para a produção total de ovos (CRUZ et al., 2016). Dessa forma a seleção baseada no período inicial (19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> semana) apesar da alta herdabilidade, não traria ganho significativo para a produção total de ovos.

Os valores de herdabilidade apresentados neste estudo indicam que a taxa de produção de ovos, tem baixa a média herdabilidade e, portanto, grande parte da variação é devido a diferenças ambientais e de genética não aditiva. Desse modo, o desenvolvimento de linhas puras por seleção, e o posterior cruzamento para explorar a heterose, tende a ocasionar ganho genético nesta característica.

Os valores de herdabilidade obtidos no presente trabalho estão de acordo com aqueles relatados por Anang et al. (2000), Wolk et al. (2007), Farzin et al. (2011) e Savegnago et al. (2011), os quais estimaram o maiores valores de herdabilidade para a produção de ovos nos períodos iniciais de postura, respectivamente, 0,49, 0,42, 0,43 e 0,29. Venturini et al. (2013) por sua vez encontraram as mais baixas estimativas de herdabilidade (0,05) para o período inicial (17 a 19 semanas) e as maiores estimativas de herdabilidade (0,27) para o período de 26 a 28 semanas.

As estimativas de correlação genética obtidas com o modelo ajustado para os dois primeiros componentes principais (CP2) foram superiores as obtidas pelo modelo completo, principalmente, nos controles adjacentes do final do período de produção de ovos (Tabela 5).

Tabela 5 – Estimativas de correlações genéticas entre os períodos PO2 a PO11, obtidas pelo modelo completo (acima da diagonal) e pelo modelo CP2 (abaixo da diagonal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
2	-	0,61	0,15	0,03	0,08	0,10	-0,02	0,05	0,02	0,06
3	0,82	-	0,70	0,52	0,46	0,48	0,39	0,44	0,36	0,37
4	0,07	0,62	-	0,91	0,81	0,76	0,76	0,69	0,65	0,52
5	-0,02	0,54	0,99	-	0,96	0,91	0,94	0,87	0,83	0,71
6	0,06	0,61	1,00	1,00	-	0,95	0,97	0,93	0,87	0,81
7	0,10	0,64	1,00	0,99	1,00	-	0,95	0,96	0,88	0,83
8	-0,01	0,55	1,00	1,00	1,00	0,99	-	0,97	0,95	0,89
9	0,08	0,63	1,00	0,99	1,00	1,00	0,99	-	0,95	0,93
10	0,07	0,62	1,00	0,99	1,00	1,00	0,99	1,00	-	0,96
11	0,17	0,69	0,99	0,98	0,99	1,00	0,98	0,99	0,99	-

Como se pode observar na Tabela 6, as estimativas de correlação fenotípica do modelo completo e PC2 são muito semelhantes para os valores de taxa de produção de ovos nos diferentes períodos de observação (PO2 a PO11). Neste caso, a utilização do modelo CP2 seria suficiente para a escolha dos melhores animais para a característica produção de ovos, podendo, ainda, ser usado para estimar os valores iniciais da matriz e facilitar a convergência na análise do modelo completo.

Tabela 6 – Estimativas de correlações fenotipicadas obtidas entre os períodos PO2 a PO11 pelo modelo completo (acima da diagonal) e pelo modelo CP2 (abaixo da diagonal), para a taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red

	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
2	-	0,25	0,11	0,06	0,05	0,02	0,00	0,01	0,03	0,02
3	0,25	-	0,33	0,22	0,19	0,18	0,14	0,11	0,12	0,10
4	0,11	0,33	-	0,37	0,30	0,28	0,28	0,24	0,25	0,20
5	0,05	0,22	0,36	-	0,45	0,39	0,37	0,32	0,33	0,27
6	0,05	0,19	0,30	0,43	-	0,46	0,37	0,37	0,33	0,28
7	0,02	0,18	0,29	0,39	0,46	-	0,49	0,43	0,41	0,33
8	0,00	0,14	0,28	0,37	0,37	0,49	-	0,48	0,44	0,37
9	0,01	0,11	0,25	0,33	0,37	0,43	0,48	-	0,53	0,42
10	0,03	0,12	0,25	0,31	0,34	0,41	0,44	0,53	-	0,51
11	0,02	0,10	0,21	0,28	0,28	0,33	0,38	0,42	0,51	-

## Conclusões

Conclui-se que a seleção de aves baseada na produção de ovos até a 54ª semana de idade possui alta correlação genética com a produção total de ovos,

podendo ser usada no programa de melhoramento genético de aves de linha pura da raça Rhode Island Rhed. Além disso, os resultados indicam que a estrutura de covariância genética para taxa de postura pode ser ajustada utilizando um modelo de posto reduzido contendo dois componentes principais, reduzindo consideravelmente o número de parâmetros a ser estimados, sem reduzir a qualidade de ajuste.

### **Agradecimentos**

Ao Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), Concórdia, Santa Catarina, pela cedência do banco de dados; ao Laboratório de Melhoramento Animal pela realização das análises e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria, pela oportunidade.

### **Referências bibliográficas**

AKAIKE, H. Maximum likelihood identification of Gaussian autoregressive moving average models, Volume 60, Issue 2, August 1973, Pages 255-265, **Biometrika**, aug. 1973.

AL-SAMARAI, F. R. et al. Prediction of total egg production from partial or cumulative egg production in a stock of white leghorn hens in Iraq. **International Journal of Poultry Science**, v. 7, n. 9, p. 890-893, 2008.

ANANG, A. et al. Genetic and phenotypic parameters for monthly egg production in White Leghorn hens. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v. 117, n. 6, p. 407-415, 2000.

BIGNARDI, A. B. et al. Análises multi-características da produção de leite no dia do controle de vacas da raça Gir utilizando componentes principais. **Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**, v. 8, 2010.

BOLIGON, A. A. et al. Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 152, n. 2, p. 135-142, 2013.

BONAFÉ, C. M. et al. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 765-771, 2011.

BROWNE, R. P.; MCNICHOLAS, P. D. Estimating common principal components in high dimensions. **Advances in Data Analysis and Classification**, v. 8, n. 2, p. 217-226, 2014.

CRUZ, V. A. R. et al. Seleção para a produção de ovos em períodos parciais e acumulados em linhagem de frango de corte comercial. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, p. 489-496, 2016.

DORNELLES, M. A. et al. Genetic parameters for test day milk production of Holstein cows using factors and principal components analysis. **Ciência Rural**, v. 45, n. 6, p. 1087-1092, 2015.

ELER, J. P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal. I Bases do melhoramento genético animal. Universidade de São Paulo. Pirassununga, 2014. Acesso em: 18/07/2017. Disponível em: <http://www.usp.br/gmab/discip/apos1.pdf>.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. UFV, 1987.

FARZIN, N. et al. Estimates of genetic parameters for monthly egg production traits in a commercial broiler female line. **Italian Journal of Animal Science**, v. 10, n. 1, p. e12, 2011.

FERREIRA, P. B. et al. Desenvolvimento folicular e desempenho produtivo no início do ciclo de postura em duas raças de poedeiras. **Ciência Rural**, v. 44, n. 3, 2014.

HAIR, J. F. et al. **Multivariate data analysis**. UpperSaddle River, NJ: Prentice hall, 1998.

JOHN-JAJA, S. A.; ABDULLAH, A. R.; NWOKOLO, S. C. Heritability estimates of external egg quality traits of Exotic Laying Chickens under the influence of age variance in the tropics. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, 2016.

JORDÃO FILHO, J. et al. Exigência de lisina para poedeiras semipesadas durante o pico de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 4, p. 1728-1734, 2006.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components. **Genetics**, v. 168, n. 4, p. 2295-2306, 2004.

LUO, P. T. et al. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. **Poultry Science**, v. 86, n. 1, p. 30, 2007.

MARDIA, K. V. **Multivariate analysis**. 6. ed. London: Academic Press, 1997.

MEYER, K .et al. Wombat-Diggingdeep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: **World Congress On Genetics Applied To Livestock Production**, 2006.

MEYER, K. Genetic principal components for live ultrasound scan traits of Angus cattle. **Animal Science**. 81:337-345, 2005.

MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Perils of parsimony: properties of reduced-rank estimates of genetic covariance matrices. **Genetics**, v. 180, n. 2, p. 1153-1166, 2008.

MEYER, Karin. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 2, p. 50-64, 2007.

NARINC, D.; UCKARDES, F.; ASLAN, E. Egg production curve analyses in poultryscience. **World's Poultry Science Journal**, v. 70, n. 4, p. 817-828, 2014.

SABRI, Hani M. et al. Genetic parameters for egg and related characteristics of white leghorn hens in a subtropical environment. **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 2, p. 183-186, 1999.

SAVEGNAGO, R. P. et al. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. **Poultry Science**, v. 90, n. 10, p. 2174-2188, 2011.

SCHWARZ, G. **Estimating the dimension of a model**. The annals of statistics, 6(2), 461-464, 1978.

SILVA, L. P. et al. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v. 153, n. 1, p. 27-32, 2013.

TAKATA, F. N. et al. Aspectos morfológicos do oviduto de galinha doméstica (*Gallusgallus*) antes e após a puberdade. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 25, n. 2, p. 174-176, 2001.

TEIXEIRA, B. B. et al. Using partial data in the selection of meat-type quail for egg production. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 559-563, 2013.

ÜNVER, Y.; et al. Estimation of heritability for egg production in laying hens using MIVQUE, ML, REML and Gibbs sampling methods. **7<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, p. 19-23. 2002.

VENTURINI, G. C. et al. Genetic parameters and principal component analysis for egg production from White Leghorn hens. **Poultry science**, v. 92, n. 9, p. 2283-2289, 2013.

WOLC, A. et al. Genetic parameters of egg defects and egg quality in layer chickens. **Poultry science**, v. 91, n. 6, p. 1292-1298, 2012.

WOLC, A. et al. Heritability of egg production in laying hens under cumulative, multitrait and repeated measurement animal models. **Czech Journal of Animal Science**, v. 52, n. 8, p. 254, 2007.

YAKUBU, A.; KUJE, D.; OKPEKU, M. Principal components as measures of size and shape in Nigerian indigenous chickens. **Thai Journal of Agricultural Science**, v. 42, n. 3, p. 167-176, 2009.

YUAN, J. et al. Genetic parameters of feed efficiency traits in laying period of chickens. **Poultry science**, v. 94, n. 7, p. 1470-1475, 2015.

## **ARTIGO 2**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A TAXA DE POSTURA ESTIMADO POR  
MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVES DE  
LINHA PURA DA RAÇA RHODE ISLAND RED**

## PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A TAXA DE POSTURA ESTIMADO POR MODELO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVES DE LINHA PURA DA RAÇA RHODE ISLAND RED

**Resumo:** Este estudo teve como objetivo comparar diferentes modelos de regressão aleatória (MRA), com distintas ordens do polinômio de Legendre, visando identificar o modelo de melhor ajuste para a taxa de postura de aves de linha pura da raça Rhode Island Red e estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para essa característica. Os dados utilizados foram cedidos pelo Centro de Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), linhagem GG coletados entre os anos de 1992 a 2013. A característica estudada foi a taxa de postura, arquivo de trabalho ficou composto por 83.687 registros. As produções semanais foram agrupadas em 13 períodos compostas de 4 semanas (PO1 a PO13), sendo o primeiro período constituído das taxas de produção de ovos medidas entre a 19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> (PO1), o segundo período da 23<sup>a</sup> a 26<sup>a</sup> (PO2), o terceiro período da 27<sup>a</sup> a 30<sup>a</sup> (PO3) semana e assim sucessivamente. Utilizou-se para a análise genética o modelo animal em regressão aleatória através do programa Wombat. O modelo proposto incluiu o efeito fixo de geração, a trajetória média de produção, o efeito aleatório e genético aditivo, o efeito permanente direto e residual. Para modelar a trajetória fixa foi usado polinômio de ordem quatro e para as trajetórias aleatórias, foram usados os polinômios ortogonais de Legendre, variando as ordens para o efeito genético aditivo e de ambiente permanente, com variância residual homogênea ou heterogênea. As diferenças entre os modelos foram comparadas utilizando os critérios de AIC, BIC, Log L e pelo teste de razão de verossimilhança (LRT). O modelo composto por polinômios de ordem quatro para efeito fixo, ordem dois para efeito aditivo, oitava para ambiente permanente, contendo sete classes de variância residual, foi o mais adequado para o ajuste dos dados de taxa de produção de ovos em aves de linha pura da raça Rhode Island Red. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,01 (PO1: 19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> semana de idade) a 0,24 (P12: 63<sup>a</sup> a 66<sup>a</sup> semanas de idade) e as correlações genéticas entre os períodos variaram de -0,27 (P1 com P13) variando de 0,1 (de P1 com P17, de 68 a 70 semanas de idade) a 1,00 para os períodos adjacentes de P8 a P13. A seleção de aves baseada nos períodos parciais PO7 (43<sup>a</sup> a 46<sup>a</sup> semana de vida) a PO10 (59<sup>a</sup> a 58<sup>a</sup> semanas de vida) apresentam boas estimativas de herdabilidade, estão bem correlacionados, sendo, portanto, indicados para a seleção de aves de linha pura da raça Rhode Island Red.

**Palavras-chave:** Correlação. Herdabilidade. Legendre. Produção de Ovos.

## **GENETIC PARAMETERS FOR POSTURE RATE ESTIMATED BY RANDOM REGRESSION MODEL FOR PURE LINE OF RHODE ISLAND RED BREED**

**Abstract:** This study aimed to compare different models of random regression (ARM), with distinct orders of the Legendre polynomial, in order to identify the model of best fit for the Rhode Island Red bird posture rate and to estimate the components of (co) variance and genetic parameters for this characteristic. The data used were provided by the National Center for Research on Pigs and Swine of the Brazilian Agricultural Research Corporation (CNPQA/EMBRAPA), lineage GG collected between the years 1992 to 2013. The studied trait was the posture rate, work file was composed of 83,687 records. Weekly yields were grouped into 13 composite periods of 4 weeks (PO1 to PO13), the first period consisting of egg production rates measured between the 19th to the 22nd (PO1), the second period of the 23rd the 26th (PO2), the third period from the 27th to the 30th (PO3) week and so on. The animal model was used for the genetic analysis in random regression through the Wombat program. The proposed model included the fixed generation effect, the average production trajectory, the additive random and genetic effect, the direct and residual permanent effect. In order to model the fixed trajectory we used a polynomial of order 4 and for the random trajectories, Legendre orthogonal polynomials were used, varying the orders for the additive and permanent environment genetic effect, with homogeneous or heterogeneous residual variance. The differences between the models were compared using the AIC, BIC, Log L, and Likelihood Ratio (LRT) criteria. The model composed of polynomials of order four for fixed effect, order two for additive effect, octave for permanent environment, containing seven classes of residual variance, was the most adequate for the adjustment of egg production rate data in line birds. Heritability estimates ranged from 0.01 (PO1: 19th to 22th week of age) to 0.24 (P12: 63rd to 66th week of age) and genetic correlations between the periods ranged from - 0.27 (P1 with P13) ranging from 0.1 (from P1 to P17, from 68 to 70 weeks of age) to 1.00 for the adjacent periods from P8 to P13. The selection of birds based on PO7 partial periods (43 to 46 weeks of age) and PO10 (59th to 58th weeks of life) present good estimates of heritability, are well correlated and therefore suitable for selection of pure-line race Rhode Island Red.

**Keywords:** Correlation. Heritability. Legendre. Egg Production.

## Introdução

O uso de metodologias que possam estimar os parâmetros genéticos, de forma mais acurada, pode contribuir para o aumento dos ganhos genéticos obtidos com a seleção. Sendo assim, os Modelos de Regressão Aleatória (MRA) têm sido indicados como mais apropriados para a análise de dados longitudinais na área de melhoramento genético animal (WOLC, 2007). Os MRA permitem a análise de registros repetidos de características que mudam gradualmente ao longo do tempo (MEYER, 2000), possibilitando a obtenção de parâmetros genéticos em qualquer idade dentro do intervalo considerado, tendo ainda como benefício a estimativa de valores genéticos em idades em que não haja informações dos animais (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

A aplicação mais conhecida da MRA é na avaliação genética de gado leiteiro, usando registros de produção de leite no dia do controle (SCHAEFFER, 2004; PELMUS et al., 2017), outras aplicações incluem dados de crescimento em todas as espécies, interações genótipo-ambiente e análise de dados de sobrevivência, além de dados de fertilidade (ROVADOSCKI et al., 2016; CHIAIA et al., 2015; HAILE-MARIAM et al., 2015). Recentemente a possibilidade de sua utilização para características longitudinais em aves foi demonstrada em vários estudos (WOLC; SZWACZKOWSKI, 2009; FARZIN et al., 2013; WOLC et al., 2013; GUO et al., 2015; MOOKPROM et al., 2016).

Os registros de produção parcial de ovos são dados denominados longitudinais, e dessa forma o uso de MRA além de fornecer estimativas de parâmetros genéticos pontuais, possibilita também a estimativa em períodos da curva de produção considerados economicamente interessantes sem a necessidade de haver informações específicas (TEIXEIRA et al., 2012).

Ao ajustar um MRA, ajusta-se uma função contínua, que permite descrever as mudanças ambientais e genéticas, ao longo do tempo. A utilização de MRA requer o uso de uma função para a descrição dos efeitos fixos e aleatórios que atuam sobre as características. Essa função pode ser ortogonal, paramétrica ou de covariância (COBUCCI et al., 2004); no entanto os polinômios ortogonais de Legendre tem sido a função mais usada pelos autores.

Os polinômios ortogonais de Legendre são utilizados em vários trabalhos como função contínua e podem requerer ordens de ajuste diferentes para cada

efeito aleatório contido no modelo. Dessa forma, o desconhecimento da ordem de ajuste mais apropriada para a função empregada, pode influenciar erroneamente a partição da variância fenotípica, nas variâncias atribuídas aos efeitos incluídos no modelo (SARMENTO et al., 2010).

Primeiramente os MRA consideravam a estrutura de variância de resíduo homogênea (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997), o que aliado a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente ocasionava a superestimativa da variância genética aditiva. A modelagem, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, no entanto, pode proporcionar aumento no número de parâmetros estimados, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Modelos mais parcimoniosos têm sido propostos no estudo da produção de ovos, com número reduzido de classes de variâncias, advindas do agrupamento de classes que contêm variações semelhantes (VENTURINI et al., 2012; POURTAHMASEBIAN AHRABI et al., 2015).

Este estudo teve como objetivo comparar modelos de regressão aleatória com diferentes ordens nos polinômios de Legendre, a fim de selecionar o modelo de melhor ajuste e estimar os componentes de covariância e parâmetros genéticos para a característica Taxa de postura de aves de linha pura da raça Rhode Island Red.

## **Material e métodos**

Foi utilizado um banco de dados do programa de melhoramento de aves de ovos de casca marrom do Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), situado no município de Concórdia, estado de Santa Catarina. Foram utilizados dados de aves da raça Rhode Island Red (RIR), linhagem GG coletados entre os anos de 1992 a 2013. As aves foram selecionadas com o objetivo principal de aumento de peso dos ovos. Para evitar consanguinidade foram feitos acasalamentos dirigidos. Ao nascer, as aves foram anilhadas para identificação. Estas foram criadas em aviários de pressão positiva em piso, até 16 semanas de idade e depois alojadas, individualmente, em gaiolas de arame contendo comedouro tipo calha e bebedouro automático tipo *nipple*, até o final da produção de ovos.

O arquivo de trabalho ficou composto por 83.687 registros de taxa de produção de ovos de aves de linha pura da raça RIR. A produção de ovos foi avaliada utilizando registros diários de produção, excetuando-se os sábados e os domingos. Para este trabalho foram utilizados dados do período compreendido entre a 19<sup>o</sup> a 70<sup>o</sup> semana de idade das aves. As produções semanais foram agrupadas em 13 períodos compostas de 4 semanas (PO1 a PO13), sendo o primeiro período constituído das taxas de produção de ovos medidas entre a 19<sup>a</sup> a 22<sup>a</sup> (PO1), o segundo período da 23<sup>a</sup> a 26<sup>a</sup> (PO2), o terceiro período da 27<sup>a</sup> a 30<sup>a</sup> (PO3) semana e assim sucessivamente. Os dados foram primeiramente verificados quanto a consistência das informações, utilizando o aplicativo SAS<sup>®</sup> (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM, 2013). Foram excluídas as aves com produções superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrões em relação à média dentro de cada GC, assim como animais com produção incompleta ou que morreram durante o período de postura.

Foi realizada uma análise univariada padrão considerando uma dimensão finita modelo (UNI) considerando 13 períodos parciais de 4 semana (19<sup>a</sup> a 70<sup>a</sup> semana), e uma análise multicaracterística (MULTI) considerando 10 períodos de 4 semana (23<sup>a</sup> a 62<sup>a</sup> semana). Considerado a dimensão infinita foram testados 15 modelos de regressão aleatória.

Na análise de regressão aleatória foram testados dois modelos para a escolha da melhor estrutura das variâncias residuais e doze diferentes modelos, para as combinações de efeitos aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente direto. O modelo de regressão aleatória geral, utilizado no ajuste da característica produtiva foi:

$$Y_{ij} = GC_i + \sum_{m=1}^k \beta_m \varnothing_m + \sum_{m=1}^{ka} \alpha_{im} \varnothing_m + \sum_{m=1}^{kc} \rho_{im} \varnothing_m + e_{ij},$$

em que:  $y_{ij}$  é a produção de ovos da ave  $i$  no período  $j$ ;  $GC$  é o efeito fixo de geração;  $\beta_m$  é o coeficiente de regressão fixo da produção sobre o polinômio de Legendre  $m$  representado por uma função cúbica para modelar a curva média de postura;  $\alpha_{im}$  e  $\rho_{im}$  são os coeficiente de regressão genética-aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente para a ave  $i$ ;  $ka$  e  $kc$  são as ordens de ajuste

do polinômio de Legendre para o efeito aleatório aditivo e de efeito permanente;  $\Phi_m$  é a função polinomial de Legendre em que  $m$  é o  $m$ -ésimo parâmetro dos polinômios de Legendre;  $\mathbf{e}$  é o vetor de efeito aleatório residual. O Modelo pode ser descrito na forma matricial como:  $\mathbf{y} = X\mathbf{b} + Z\mathbf{a} + W\mathbf{c} + \mathbf{e}$ .

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\mathbf{b} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{k}_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{k}_c \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que  $\mathbf{y}$  é o vetor das observações de produção de ovos;  $\mathbf{b}$  é o vetor de soluções para o efeito fixo de incubação e dos coeficientes de regressão para;  $\mathbf{a}$  é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genéticos aditivos;  $\mathbf{c}$  é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente direto;  $\mathbf{e}$  é o vetor dos resíduos, e  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  são as matrizes de incidência correspondentes. em que  $\mathbf{k}_a$  e  $\mathbf{k}_c$  são matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente de animal, respectivamente;  $A$  é a matriz de parentesco entre os indivíduos;  $I$  é a matriz de identidade;  $\otimes$  é o produto de Kroenecker entre matrizes e  $R$  é a matriz diagonal de variâncias residuais.

Os valores de covariância foram estimados por máxima verossimilhança restrita utilizando o programa Wombat (MEYER, 2006). O modelo proposto incluiu os efeitos fixos de geração e a trajetória média de produção (regressão fixa) e os efeitos aleatórios genéticos aditivos ( $\mathbf{k}_a$ ) de ambiente permanente direto ( $\mathbf{k}_c$ ) e residual ( $\mathbf{e}$ ).

Para modelar a trajetória fixa foram usados polinômios de Legendre de ordem quatro. Já a trajetória aleatória foi modelada utilizando as ordens dois três e quatro para efeito genético aditivo e de cinco a oito para ambiente permanente direto e a estrutura da variância residual foi modelada considerando a homogeneidade ou heterogeneidade da variância. No caso de heterogeneidade as variâncias foram modeladas por meio de 7 classes, agrupadas com base na semelhança entre as variações residuais entre elas. Dessa forma o modelo com resíduo heterogêneo considerou o 1º, o 2º, do 3º ao 9º, o 10º, o 11º, o 12º e o 13º resíduos.

Os modelos foram comparados quanto à qualidade do ajuste, pelo valor de logaritmo da Função de Máxima Verossimilhança (LogL); o critério de informação de

Akaike (AKAIKE, 1973): descrito como:  $AIC = -2 \log L + 2p$ ; e o critério de informação Bayesiano (SCHWARZ, 1998):  $BIC = -2 \log L + p \log(N - r)$ , em que:  $p$  é o número de parâmetros do modelo,  $N$  o número total de observações,  $r$  o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos e  $\log L$  o logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita. Segundo esses critérios, o melhor modelo é aquele com menor valor de AIC, BIC.

Os diferentes modelos foram também comparados pela mudança no logaritmo da função de máxima verossimilhança (LogL), por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT) (RAO, 1973). A estatística LRT foi obtida pela seguinte expressão:  $LRT_{ij} = 2 \log L_i - 2 \log L_j$ , em que  $\log L_i$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo completo  $i$ , e  $\log L_j$  é o máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido  $j$ . A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com  $d$  graus de liberdade e nível de significância de 1%, em que  $d$  é a diferença entre o número de parâmetros estimados pelos modelos. As conclusões foram feitas de maneira que, se  $LRT > X^2_{tab1\%}$  o teste será significativo e os modelos considerados diferentes.

## Resultados e discussão

As taxas de postura para os períodos PO1 a PO13 (Tabela 1) tiveram o comportamento esperado, com valores mais baixos no PO1 (19<sup>o</sup> a 22<sup>o</sup> semanas), atingindo o pico de produção em PO3 (27<sup>o</sup> a 30<sup>o</sup> semanas) e reduzindo a partir deste ponto, sendo que o período inicial (PO1) foi também o que apresentou maior coeficiente de variação. Isso se dá, pois, a puberdade não ocorre de maneira uniforme nas aves (FERREIRA et al., 2017), e a menor taxa de postura no período inicial pode ser em decorrência de diferentes níveis de maturidade sexual. A partir do período PO3 é possível perceber uma redução na taxa de postura e, nos períodos finais, verifica-se um aumento no coeficiente de variação, indicando o final da vida produtiva das aves e diferentes persistências de postura (NARIC et al., 2014).

Para avaliar a melhor estrutura residual foram testados os modelos L33\_1 e L33\_7 (Tabela 2). O Modelo L33\_1 considerou a variância residual homogênea, e o modelo L33\_7 variância residual heterogênea (7 classes). É possível evidenciar que

o modelo L33\_7 foi o mais adequado de acordo com os critérios de LogL, AIC e BIC, apresentando também diferença significativa entre estes pelo teste  $X^2$  a 1%.

Tabela 1 – Número de observações (N<sup>o</sup>), médias, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), número de grupos de contemporâneos (GC) para a taxa de produção de ovos de aves da raça Rhode Island Red

<b>Característica</b>	<b>Semanas</b>	<b>N<sup>o</sup></b>	<b>Média (%)</b>	<b>DP (%)</b>	<b>CV</b>	<b>GC</b>
PO1	19 a 22	5797	36,61	22,01	60,12	15
PO2	23 a 26	6244	65,16	11,77	18,06	14
PO3	27 a 30	6244	66,61	6,28	9,43	14
PO4	31 a 34	6244	66,18	6,12	9,25	14
PO5	35 a 38	6244	65,20	6,38	9,79	14
PO6	39 a 42	6244	63,43	7,10	11,19	14
PO7	43 a 46	6244	62,21	7,48	12,02	14
PO8	47 a 50	6244	60,23	7,63	12,67	14
PO9	51 a 54	6244	58,84	8,34	14,17	14
PO10	55 a 58	6244	57,80	8,98	15,54	14
PO11	59 a 62	6244	51,91	15,27	29,42	14
PO12	63 a 66	5385	50,56	12,46	24,64	12
PO13	67 a 70	3775	47,05	14,50	30,81	10

Da mesma forma, os autores, Bonafé et al. (2011), Venturini et al. (2012), Farzin et al. (2013) e Guo et al. (2015) consideraram adequado o uso de heterogeneidade do resíduo e propuseram o uso de modelos mais parcimoniosos considerando de 5 a 10 classes diferentes de variância, uma vez que, de acordo com Jamrozik et al. (1997), o resíduo considerado como homogêneo pode levar a superestimativa da variância genética aditiva. Outros autores consideram o uso de resíduo homogêneo adequado (WOLC; SZWACZKOWSKI, 2009; PACHECO et al., 2012; TEIXEIRA et al., 2012) devido a característica das informações em seus bancos de dados, os quais apresentaram variâncias residuais mais uniformes ao longo do período de avaliação.

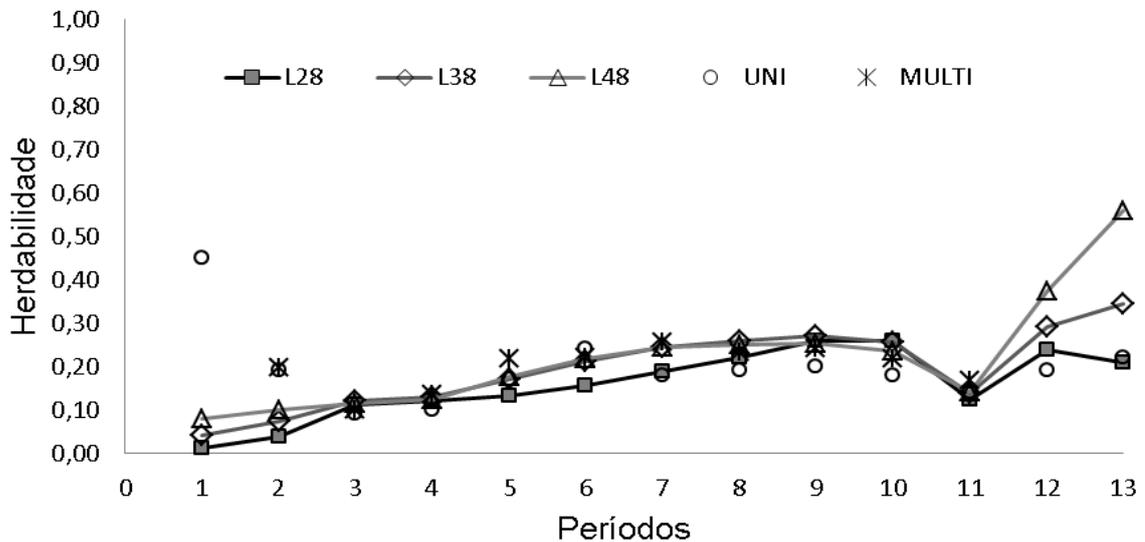
Tabela 2 – Modelos, número de parâmetros (P), logaritmo da função de verossimilhança (LogL), critérios de Akaike (AIC), Bayesiano de Schwarz (BIC) e teste da razão de verossimilhança para os modelos aninhados (LRT)

Modelo <sup>1</sup>	P	LogL	AIC	BIC	LRT <sup>2</sup>
L33_1	13	-23.6700,6	47.3427,1	47.3548,5	(L33_1- L33_7) 2.6223,7**
L33_7	19	-22.3724,6	44.7487,3	44.7664,6	
L25_7	25	-22.3811,9	44.7673,9	44.7907,3	(L25_7- L26_7) 807,9**
L26_7	31	-22.3624,3	44.7310,7	44.7600,0	(L26_7- L27_7) 432,7**
L27_7	38	-22.3534,4	44.7144,9	44.7499,6	(L27_7- L28_7) 252,9**
<b>L28_7</b>	<b>46</b>	<b>-22.3408,0</b>	<b>44.6908,0</b>	<b>44.7337,4</b>	
L35_7	28	-22.3497,7	44.7051,5	44.7312,8	(L35_7- L36_7) 843,6**
L36_7	34	-22.3308,6	44.6685,2	44.7002,6	(L36_7- L37_7) 465,4**
L37_7	41	-22.3216,0	44.6514,0	44.6896,7	(L37_7- L38_7) 280,2**
<b>L38_7</b>	<b>49</b>	<b>-22.3075,9</b>	<b>44.6249,8</b>	<b>44.6707,2</b>	
L45_7	32	-22.3164,7	44.6393,4	44.6692,1	(L45_7- L46_7) 868,6**
L46_7	38	-22.2992,1	44.6060,3	44.6415,0	(L46_7- L47_7) 523,5**
L47_7	45	-22.2883,1	44.5856,2	44.6276,3	(L47_7- L48_7) 305,5**
<b>L48_7</b>	<b>53</b>	<b>-22.2730,4</b>	<b>44.5566,7</b>	<b>44.6061,5</b>	

<sup>1</sup>L33\_1 = função de variâncias com Legendre de ordem 3 para efeito genético aditivo, ordem 3 para efeito de ambiente permanente e 1 classe de variância residual; <sup>2</sup>: teste da razão de verossimilhança entre os modelos aninhados; \*\*P < 0,01. Em negrito estão destacados os melhores modelos dentro das diferentes ordens de ajuste para a variância genética aditiva.

Ao processar as análises considerando o resíduo heterogêneo (7 classes), com diferentes ordens de ajuste para os efeitos genéticos e de ambiente permanente (Tabela 2), verificou-se, que quanto maior o número de parâmetros, melhor o ajuste do modelo aos dados, sendo o modelo L48\_7 com 53 parâmetros o mais adequado segundo o LogL, AIC e BIC. Todavia, como a diferença em relação a LogL, AIC e BIC foi pequena, optou-se por apresentar as estimativas de parâmetros genéticos para o melhor modelo dentro das diferentes ordens de ajuste para a variância genética aditiva, ou seja 28\_7, 38\_7 e 48\_7.

Figura 1 – Estimativas de herdabilidade para os modelos L28\_7, L38\_7, L48\_7, univariada (UNI) e multivariada (MULTI)



As estimativas de herdabilidade estimadas para os modelos 28\_7, 38\_7 e 48\_7 foram bastante semelhantes e variaram de 0,01 (PO1) a 0,56 (PO13) (Figura 1). Os menores valores de herdabilidade estimados encontram-se no período inicial de produção e apresentaram uma tendência crescente, com pequena oscilação no período que compreende a 59-62<sup>o</sup> semanas (PO11). Anang et al. (2001), Luo et al. (2007) e Venturini et al. (2012) reportaram valores baixos de herdabilidade no período inicial de produção (0,00 a 0,16) as quais foram semelhantes aos encontrados no presente trabalho. Essa baixa herdabilidade pode ser atribuída as mudanças fisiológicas que as aves passam no início do período produtivo (LUO et al., 2007). Do mesmo modo Luo et al. (2007) e Wolk e Szwaczkowski (2009) encontraram estimativas de herdabilidade mais elevadas ao final do período de avaliação (0,54 e 0,30) corroborando com o presente trabalho. Segundo Wolk e Szwaczkowski (2009), mudanças na herdabilidade podem ser resultantes de atividade de genes diferentes durante o período de produção, e estas podem ser superestimadas no final do período produtivo devido a redução do tamanho da amostra advinda da taxa de mortalidade e de diferentes persistências das aves.

Ao comparar os valores de herdabilidade estimados por análise de regressão aleatória com os resultados da análise univariada (UNI) e multivariada (MULTI) (Figura 1), é possível verificar que os modelos de regressão aleatória estimaram valores mais baixos de herdabilidade no início do período de produção (PO1 e PO2),

se equivalendo nos períodos seguintes. No entanto o Modelo L28\_7 foi o que apresentou estimativas de herdabilidades que mais se assemelharam aos valores estimados pelos modelos UNI e MULTI, sobretudo no final da vida produtiva das aves.

As estimativas de correlação genética ( $r_a$ ) e fenotípica ( $r_e$ ) para os modelos L28\_7, L38\_7 e L48\_7 (Figura 2) variaram bastante, sendo que o modelo mais parametrizado (L48\_7) apresentou, no gráfico tridimensional, superfície com maiores oscilações nas estimativas de correlação genética com o decorrer do tempo. Demonstrando nesse caso, que produções em idades mais próximas foram menos correlacionadas geneticamente do que produções mais distantes. Segundo Meyer (1998), esse tipo de padrão indica que o modelo estaria superparametrizado. No entanto, o modelo menos parametrizado (L28\_7) apresenta no gráfico tridimensional superfície suave, com correlações menores quanto mais distantes as produções de ovos, como é o esperado.

Valores de estimativa de correlação genética baixa ou até mesmo negativa como o apresentado nos períodos iniciais e finais de produção, sugerem que um fundo genético diferente pode estar envolvido na produção de ovos nestes períodos (WOLK; SZWACZKOWSKI, 2009). As correlações de ambiente permanente também apresentaram alguns valores negativos, reduzindo sua magnitude conforme aumentava o intervalo entre os períodos, estes tenderam a valores geralmente inferiores a correlação genética do período correspondente. Resultados semelhantes foram relatados por Wolk et al. (2007) e Wolk e Szwaczkowski (2009). Porém Venturine et al. (2012) e Luo et al. (2007) encontraram apenas valores positivos para as correlações.

As correlações genéticas variaram de -0,38 a 0,99, de -0,36 a 0,99 e de -0,27 a 1,00 para os modelos L48\_7, L38\_7 e L28\_7 respectivamente. O Modelo L28\_7 foi o que apresentou menos estimativas de correlações negativas, estando essas, apresentadas apenas entre os primeiros e os últimos períodos de produção, indicando ser esse o modelo mais adequado para modelar a taxa de produção de ovos. Desse modo, a melhor ordem para o efeito genético aditivo seria dois, e não quatro, como indicado por LogL AIC e BIC.

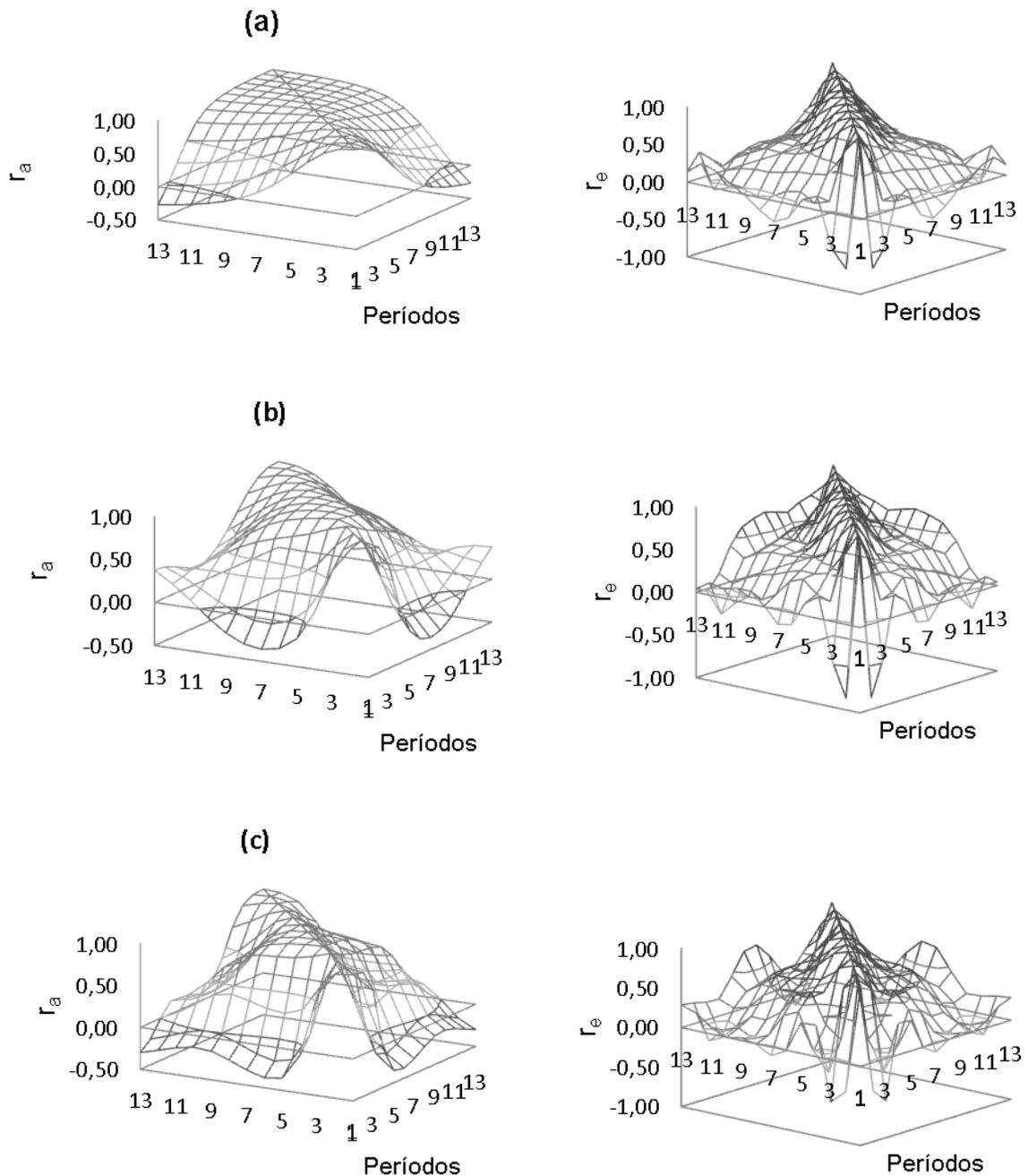
Desse modo o modelo contendo 46 parâmetros, ordem dois para a variância genética aditiva e ordem oito a variância de ambiente permanente (L28\_7) é o mais adequado para avaliar a taxa produção de ovos em aves de linha pura da raça

Rhode Island Rhed. Este modelo apresentou um gráfico de superfície mais suave em relação aos demais e de fácil explicação biológica.

Da mesma forma, Luo et al. (2007), encontraram o melhor ajuste para o modelo de ordem 2 para efeito genético aditivo e 4 para efeito de ambiente permanente. Por outro lado Teixeira et al. (2012) e Pacheco et al. (2012) concluíram que o modelo de melhor ajuste para produção de ovos é o de ordem 4 para efeito genético aditivo e ambiente permanente sendo estes os polinômios de maior ordem testados pelos pesquisadores. Já Venturini et al. (2012) escolheram o modelo com efeito genético aditivo igual a 3 e efeito de ambiente permanente igual a 9 para modelar a produção de ovos de aves da raça White Leghorn.

Os resultados obtidos indicam que a seleção de aves baseada nas produções dos períodos iniciais (antes do pico) não trariam ganho genético, devido a sua baixa herdabilidade e correlação com os demais períodos de produção. Da mesma forma, os períodos finais não são uma boa opção uma vez que as aves já estão no final de suas vidas produtivas e esses tem pouca correlação genética com os demais períodos. Os períodos de PO7 a PO10 (43<sup>o</sup> a 58<sup>o</sup> semanas) apresentam boas estimativas de herdabilidade, estão bem correlacionados, sendo, portanto, indicados para a seleção de aves de linha pura da raça Rhode Island Rhed.

Figura 2 – Estimativas de correlações genéticas ( $r_a$ ) e ambiente permanente ( $r_e$ ) para os modelos L28\_7 (a), L38\_7 (b) e L48\_7 (c)



## Conclusões

O modelo com função polinomial de Legendre de ordem quatro para os efeitos fixos, ordem dois para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ordem oito para ambiente permanente, agrupado em sete classes residuais, pode ser

utilizado para descrever a trajetória de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red. As estimativas de parâmetros genéticos indicam que a seleção levando em consideração o período que corresponde a 43<sup>o</sup> a 58<sup>o</sup> semanas de vida das aves poderá resultar em maior ganho genético com a seleção.

### **Agradecimentos**

Ao Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e aves da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPQA/EMBRAPA), Concórdia, Santa Catarina, pela cedência do banco de dados; ao Laboratório de Melhoramento Animal pela realização das análises e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria, pela oportunidade.

### **Referências bibliográficas**

- ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens 1. Fixed regression. **British Poultry Science**, v. 42, n. 2, p. 191-196, 2001.
- BONAFÉ, C. M. et al. Random regression models for description of growth curve of meat quails. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 4, p. 765-771, 2011.
- CHIAIA, H. L. J. et al. Genotype x environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nelore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 4, p. 1503-1510, 2015.
- COBUCI, J. A. et al. Analysis of persistency in the lactation of Holstein cow using test-day yield and random regression model. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 3, p. 546-554, 2004.
- EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. GD. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 1104-1113, 2003.
- FARZIN, N. et al. Estimates of genetic parameters for monthly egg production in a commercial female broiler line using random regression models. **Livestock Science**, v. 153, n. 1, p. 33-38, 2013.
- FERREIRA, P. B. et al. Genotypic parameters for egg production in pure breed hens by using random regression model. **Ciência Rural**, v. 47, n. 5, 2017.

GUO, J. et al. Estimation of genetic parameters related to egg shell strength using random regression models. **British Poultry Science**, v. 56, n. 6, p. 645-650, 2015.

HAILE-MARIAM, M.; PRYCE, J. E. Variances and correlations of milk production, fertility, longevity, and type traits over time in Australian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 10, p. 7364-7379, 2015.

JAFARNEJAD, A. et al. Genetic evaluation of laying traits in Iranian indigenous hens using univariate and bivariate animal models. **JAPS: Journal of Animal & Plant Sciences**, v. 27, n. 1, 2017.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 80, n. 4, p. 762-770, 1997.

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, n. 1, p. 30, 2007.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v. 30, p. 221-240, 1998.

MEYER, K. et al. Wombat–Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: **World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, 2006.

MEYER, K. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v. 65, p. 19-38, 2000.

MEYER, Karin. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v. 65, n. 1, p. 19-38, 2000.

MOOKPROM, S. et al. Genetic evaluation of egg production curve in Thai native chickens by random regression and spline models. **Poultry Science**, p. pew326, 2016.

NARINC, D.; UCKARDES, F.; ASLAN, E. Egg production curve analyses in poultry science. **World's Poultry Science Journal**, v. 70, n. 4, p. 817-828, 2014.

PACHECO, R. D. O. et al. Avaliação da produção de ovos em uma linha de frango de corte utilizando modelos de regressão aleatória. Anais IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, 2012.

PELMUS, R. S. et al. Estimation of the genetic parameters for test-day milk yield in Holstein cattle. **Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies**, v. 50, n. 1, p. 85-89, 2017.

POURTAHMASEBIAN AHRABI, M. Heritabilities and genetic correlations for egg weight traits in Iranian fowl by multitrait and random regression models. **International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research**, v. 3, n. 2, p. 108-111, 2015.

RAO C. R. Linear Statistical Inference and its Applications. **John Wiley & Sons**, New York, 552 pp. 1973.

ROVADOSCKI, G. A. et al. Genetic parameters for growth characteristics of free-range chickens under univariate random regression models. **Poultry Science**, v. 95, n. 9, p. 1989-1998, 2016.

SARMENTO, J.L.R. et al. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 8, p. 1723-1732, 2010.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v. 86, n. 1, p. 35-45, 2004.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v. 86, p. 35-45, 2004.

SOUSA JÚNIOR, S. C. D. et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 1037-1045, 2010.

TEIXEIRA, B. B.; et al. Modelos de regressão aleatória para avaliação da curva de crescimento em matrizes de codorna de corte. **Ciência Rural**, v. 42, p. 1641-1647, 2012.

VENTURINI, G. C. et al. Estimation of genetic parameters for partial egg production periods by means of random regression models. **Genetic Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 1819-1829, 2012.

WOLC, A. et al. Heritability of egg production in laying hens under cumulative, multitrait and repeated measurement animal models. **Czech Journal of Animal**. v.52, n. 8, p. 254-259, 2007.

WOLC, A. J. et al. Pedigree and genomic analyses of feed consumption and residual feed intake in laying hens. **Poultry Science**, 92:2270-2275. 2013.

WOLC, A.; SZWACZKOWSKI, T. Estimation of genetic parameters for monthly egg production in laying hens based on random regression models. **Journal of Applied Genetics**, v. 50, n. 1, p. 41-46, 2009.

### 3 CONCLUSÃO

As estimativas de parâmetros genéticos para taxa de produção de ovos em diferentes períodos de produção podem ser obtidos pela utilização de diferentes modelos, como o unicaracterística, multicaracterística e regressão aleatória. Da mesma forma, a análise de componentes principais pode ser usada com o intuito de reduzir o número de parâmetros genéticos a ser estimados.

Os valores de correlação genética entre os períodos parciais e totais de produção indicam que a seleção de aves baseada em períodos parciais pode gerar ganhos para a produção total de ovos, sendo recomendada a seleção de aves baseada na produção até a 54<sup>o</sup> semana de idade, promovendo redução no intervalo entre gerações e aumento de ganho por unidade de tempo.

O modelo com função polinomial de Legendre de ordem quatro para os efeitos fixos, ordem dois para os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ordem oito para ambiente permanente, agrupado em sete classes residuais, pode ser utilizado para descrever a trajetória de produção de ovos de aves de linha pura da raça Rhode Island Red. As estimativas de parâmetros genéticos indicam que a seleção realizada no período que corresponde a 43<sup>o</sup> a 58<sup>o</sup> semanas de vida das aves deve resultar em maior ganho genético com a seleção.

## REFERÊNCIAS

- AL-SAMARAI, F. R. et al. Prediction of total egg production from partial or cumulative egg production in a stock of white leghorn hens in Iraq. **International Journal of Poultry Science**, v. 7, n. 9, p. 890-893, 2008.
- ANANG, A. et al. Genetic and phenotypic parameters for monthly egg production in White Leghorn hens. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v. 117, n. 6, p. 407-415, 2000.
- ANANG, A., et al. Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. **British Poultry Science**, 43:384-390, 2002.
- BONAFÉ, C.M. et al. Random regression models for description of growth curve of meat quails. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 4, p. 765-771, 2011. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/rbz/v40n4/09.pdf>>. Acesso em: 15 de julho, 2016.
- CARNEIRO, P. L. S. et al. Estudo da divergência genética entre linhagens de matrizes de frangos de corte por meio de análise multivariada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 54, n. 1, p. 75-83, 2002.
- COBUCI, J. A. et al. Estimation of genetic parameters for testday milk yield in Holstein cows using a random regression model. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 1, p. 75-83, 2005.
- CRUZ D. C. et al. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Volume 1 UFV**, 514p, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Divergência genética. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1994.
- DEKKERS, J.C.M. Breeding in the 21th century: application of molecular technology. **Proceedings of the Association for the Advancement of the Animal Breeding and Genetics**, v. 13, p. 1-16, 1999.
- DORNELLES, M. A. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle de vacas da raça Holandesa utilizando modelos de análises de fatores e componentes principais. **Ciência Rural**, v. 45, n. 6, p. 1087-1092, 2015.
- DROESBEKE, J. J.; FINE, J. Analisis en componentes principales. **II Seminario de Capacitacion de docentes**. Universidad Central de Venezuela, Université Libre de Bruxelles, 1995.

FAIRFULL, R. W.; GOWE, R. S. Genetics of egg production in chickens. In: CRAWFORD, R.D. (Ed.). **Poultry Breeding Genetic**, Amsterdam: Elsevier Science Publishers, p. 705-759, 1990.

FALCONER, D\_S. **Introdução à genética quantitativa**. UFV, 1987.

FAO Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura disponível em: <http://www.fao.org/docrep/018/i3107e/i3107e.PDF> Acesso 8/10/2014.

FIALHO, F. B.; LEDUR, M. C. Segmented polynomial model for estimation of egg production curves in laying hens. **British Poultry Science**, v. 38, n. 1, p. 66-73, 1997.

FIGUEIREDO, E. A. P. et al. **Raças e Linhagens de Galinhas para Criações Comerciais e Alternativas no Brasil**. Brasília: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2003.

GROSSMAN, M. et al. A model for persistency of egg production. **Poultry Science**, v. 79, n. 12, p. 1715-1724, 2000.

HAMBURGER, V.; HAMILTON, H. L. A series of normal stages in the development of the chick embryo. 1951. **Developmental Dynamics**, 195(4):231-272, 1992.

HEDEKER, D.; GIBBONS, R. D. **Longitudinal data analysis**. Hoboken, NJ: Wiley, 2006.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. **Journal of Educational Psychology**, v. 24, n. 6, p. 417, 1933.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/economicas/agricultura-e-pecuaria/9216-pesquisa-trimestral-da-producao-de-ovos-de-galinha.html?&t=series-historicas>>. Acesso em: 16 de janeiro. 2018.

KAISER, H. F. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and psychological measurement**, 20:141-151, 1960.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetical research**, v. 64, n. 1, p. 57-69, 1994.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components. **Genetics**, v. 168, n. 4, p. 2295-2306, 2004.

LEDUR, M. C. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos para características produtivas em linhagens de poedeiras de ovos brancos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28; n. 9, p. 1031-1037, 1993.

LUO, P. T. et al. Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. **Poultry Science**, v. 86, n. 1, p. 30, 2007.

MEYER, K. Wombat-A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

MEYER, K.; HILL, W. G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v. 47, n. 3, p. 185-200, 1997.

MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, 37:1-30, 2005.

MORAIS, M. R. P. Morfofisiologia da reprodução das aves: desenvolvimento embrionário, anatomia e histologia do sistema reprodutor. **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 6, n. 3, p. 165-176, 2012.

MORRISON, D. F. **Multivariate statistical methods**. 2. ed. Singapore: McGraw Hill, 1976. 415p.

MUNARI, D. P. et al. Variabilidade genética e fenotípica do desempenho de uma linhagem de aves Leghorn. I. Herdabilidades. **Ars Veterinária**, v. 8, n. 1, p. 49-57, 1992.

NARINC, D.; UCKARDES, F.; ASLAN, E. Egg production curve analyses in poultry science. **World's Poultry Science Journal**, v. 70, n. 4, p. 817-828, 2014.

PACHECO, R. O. et al. Estimativa de parâmetros genéticos da produção de ovos nos períodos parciais e total em uma linhagem fêmea reserva de frango de corte. Anais VIII SBMA 2010.

PEARSON, Karl. Principal components analysis. **The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science**, v. 6, n. 2, p. 559, 1901.

PIRES, A. V. et al. Estudo da divergência genética entre seis linhas de aves Legorne utilizando técnicas de análise multivariada. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v. 54, n. 3, p. 314-319, 2002.

REGAZZI, A. J. **Análise multivariada**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. v. 2.

- RENCHER, A. C. **Methods of Multivariate Analysis**. Wiley-Interscience, NY, 2002.
- ROVADOSCKI, G. A. **Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango caipira**. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2013.
- SAVEGNAGO, R. P., S. L. et al. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. **Poultry Science**, 90:2174-2188, 2011.
- SCHAEFFER, L. R. **Tópicos avançados em melhoramento animal: random regression models**. Jaboticabal, SP: FCAV- UNESP. p.25-33. 1996.
- SILVA, L. P. et al. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, v. 153, n. 1, p. 27-32, 2013.
- SILVA, M. A. et al. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. FEPMVZ Editora. Escola de Veterinária da UFMG. 375p, 2008.
- SILVA, M. A., et al. Análise genética de características de importância econômica em poedeiras leves. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 13:82-94, 1984.
- SMITH, C. A.; SINCLAIR, A. H. Sex determination in the chicken embryo. **Journal of Experimental Zoology**, v. 290, n. 7, p. 691-699, 2001.
- SOBRINHO, J. K.; FONSECA, R. A. Análise Econômica da Produção de Ovos de Galinhas Poedeiras no Município de Toledo – PR. **Revista Eletrônica Lato Sensu**, ano 2, n. 1, jul. 2007.
- SOUSA JÚNIOR, S. C. D. et al. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 1037-1045, 2010.
- STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. **SAS/STAT(r) 9.2 User'sguide**. Cary: SAS Institute Inc. 7857p. 2013.
- SZWACZKOWSKI, T. Use of Mixed Model Methodology in Poultry Breeding: Estimation of Genetic Parameters. In: MUIR, W. M., AGGREY, S. E. **Breeding and Biotechnology**. Wallingford: CABI, p. 165-202. 2003.
- SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. Genetic evaluation in laying hens based on fixed and random regression models. In: **World congress on genetics applied to livestock production**, 8., Belo Horizonte, 2006.

TAKMA, Cigdem; AKBAS, Yavuz. Comparison of fitting performance of random regression models to test day milk yields in Holstein Friesians. **Kafkas Univ Vet Fak Derg**, v. 15, n. 2, p. 261-266, 2009.

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

TEIXEIRA, R. B. **Avaliação genética e estudo do crescimento de matrizes de codornas de corte utilizando o modelo de regressão aleatória**. 97p. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2009.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA. **Manual de dissertações e teses da UFSM: estrutura e apresentação**. Santa Maria: Ed. UFSM, 2015.

ÜNVER, Y. et al. Estimation of heritability for egg production in laying hens using MIVQUE, ML, REML and Gibbs sampling methods. In: 7<sup>TH</sup> WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, p. 19-23. 2002.

VARELLA, C. A. A. **Análise de componentes principais**. Seropédica: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, 2008.

VENTURINI, G. C. et al. Estimation of genetic parameters for partial egg production periods by means of random regression models. **Genetic Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 1819-1829, 2012.

VENTURINI, G. C. et al. Genetic parameters and principal component analysis for egg production from White Leghorn hens. **Poultry science**, v. 92, n. 9, p. 2283-2289, 2013.

VENTURINI, G. C. **Modelos de dimensão finita e infinita para avaliação da produção de ovos em aves de postura**. 2009. 45f. Dissertação (mestrado), Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Jaboticabal, 2009.

VICINI, Lorena; SOUZA, Adriano Mendonça. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005.

WEI, M.; VAN DER WERF, J. H. Animal model estimation of additive and dominance variances in egg production traits of poultry. **Journal Animal Science**, v. 71, n. 1, p. 57-65, 1993.

WHEAT, J. D.; LUSH, J. L. Accuracy of partial trapnest records. 1. Repeatability of daily egg records. **Poultry Science**, v. 40, n. 2, p. 399-406, 1961.

WOLC, A. et al. Genetic parameters of egg defects and egg quality in layer chickens. **Poultry science**, v. 91, n. 6, p. 1292-1298, 2012.

WOLC, A. et al. Heritability of egg production in laying hens under cumulative, multitrait and repeated measurement animal models. **Czech Journal of Animal**, v. 52, n. 8, p. 254-259, 2007.

WOLC, A., J. et al. Pedigree and genomic analyses of feed consumption and residual feed intake in laying hens. **Poultry Science**, 92:2270-2275, 2013.

WOLC, A. et al. Genetic evaluation of production and reproduction traits in two selected lines of geese under multitrait animal model. **Animal Science Papers Reports**, v. 26, n. 1, p. 71-78, 2008.

**APÊNDICE A – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE  
UNICARACTERÍSTICA PARA O PROGRAMA WOMBAT**

COMMENT WOMBAT analysis of PO6;

ANALYSIS UNI 1

PEDS pedigree.txt

DATA dados.txt

tr1tt

tr1 animal 0

tr1 sire

tr1 dam

tr1 gc 15

tr1 tm

END

MODEL

FIX gc 1

RAN animal nrm

trait tm

END MOD

VAR animal 1

6

VAR residual 1

30

## APÊNDICE B – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE MULTICARACTERÍSTICA PARA O PROGRAMA WOMBAT

COMmultivariate: PERÍODOS P1 P2 P3 PTOTAL Aves de Postura

ANAL MUV 4

PEDS pedigree.txt

DATA dados.txt GRP

TRNOS 1 2 3 4

traitno 4

animal 0 nrm

sire

dam

cgroup 14

names P1 P2 P3 PTOTAL

eNd

MODEL

FIX cgroup 1 2 3 4

RAN animalnrm 1 2 3 4

trait P1 1

trait P2 2

trait P3 3

trait PTOTAL 4

END MOD

VAR animal 4

52.1 0.3 0.3 0.3

8.95 0.3 0.3

3.95 0.3

6.37

VAR residual 4

76.2 0.3 0.3 0.3

45.0 0.3 0.3

47.4 0.3

61.5

**APÊNDICE C – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE MULTICARACTERÍSTICA PARA O TESTE DE COMPONENTE PRINCIPAL COM O PROGRAMA WOMBAT**

COMComponente principal: PO2 PO3 PO4 PO5 PO6 PO7 PO8 PO9 PO10 PO11  
Aves de Postura

ANAL MUV PC 10

PEDS pedigree.txt

DATA dados.txt GRP

TRNOS 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

traitno 10

animal 0 nrm

sire

dam

cgroup 500

names M2 M3 M4 M5 M6 M7 M8 M9 M10 M11

END

MODEL

FIX cgroup 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

RAN animalnrm 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

trait M2 1

trait M3 2

trait M4 3

trait M5 4

trait M6 5

trait M7 6

trait M8 7

trait M9 8

trait M10 9

trait M11 10

END MOD

VAR animal 10 2

24.3 5.88 1.29 0.30 0.98 1.49 0.3 0.3 0.3 0.3

3.81 3.08 3.02 2.79 3.35 2.71 0.3 0.3 0.3

4.81 5.94 5.91 6.25 6.26 0.3 0.3 0.3

8.58 9.28 9.93 10.0 0.3 0.3 0.3

10.6 11.4 11.4 0.3 0.3 0.3

13.6 12.7 0.3 0.3 0.3

12.6 0.3 0.3 0.3

13.8 0.3 0.3

16.9 0.3

15.8

VAR residual 10 10

99.9 11.5 6.4 3.89 3.07 0.44 0.62 0.3 0.3 0.3

32.2 9.58 5.7 5.52 5.04 3.77 0.3 0.3 0.3

32.2 8.25 7.0 6.77 6.81 0.3 0.3 0.3

32.3 9.93 8.8 7.82 0.3 0.3 0.3

39.6 12.8 8.6 0.3 0.3 0.3

42.6 15.5 0.3 0.3 0.3

45.6 0.3 0.3 0.3

54.9 0.3 0.3

63.0 0.3

81.0

## APÊNDICE D – CARTÃO DE PARÂMETRO PARA ANÁLISE DE REGRESSÃO COM O PROGRAMA WOMBAT

COMPO from DFREML (MRR)

ANAL RR  
PEDS ped.txt

DATA dados.txt  
animal 99999  
  RAMCN 3000  
subject 99999  
povo  
  CLASSE 13  
END

MODEL  
  FIX RAMCN  
  COV CLASSE (4,LEG)  
  RRC CLASSE  
  RAN animal (3,LEG) nrm  
  RAN subject (3,LEG)  
traitpovo  
END MOD

VAR animal 3  
23.2 0.03 0.03  
29.0 0.03  
24

VAR subject 3  
16.0 0.03 0.03  
6.3 0.03  
10.0

VAR residual 1 HET 7  
11 400  
22 100  
39 30  
10 10 30  
11 11 30  
12 12 50  
13 13 80