

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ANÁLISE GENÉTICA DA PROBABILIDADE DIÁRIA
DE POSTURA EM TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS

Autora: Ana Carolina Müller Conti
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Co-Orientadora: Prof^a. Dr^a. Eliane Gasparino

“Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá – Área de Concentração Produção Animal”

MARINGÁ
Estado do Paraná
Dezembro - 2007

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ANÁLISE GENÉTICA DA PROBABILIDADE DIÁRIA
DE POSTURA EM TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS

Autora: Ana Carolina Müller Conti
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Co-Orientadora: Prof^a. Dr^a. Eliane Gasparino

“Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá – Área de Concentração Produção Animal”

MARINGÁ
Estado do Paraná
Dezembro - 2007

Ando devagar porque já tive pressa,
E levo esse sorriso, porque já chorei demais,
Hoje me sinto mais forte, mais feliz quem sabe,
Só levo a certeza de que muito pouco eu sei, ou nada sei.

Conhecer as manhas e as manhãs,
O sabor das massas e das maçãs.
É preciso amor pra poder pulsar, é preciso paz
Para poder sorrir, é preciso a chuva para florir.

Penso que cumprir a vida, seja simplesmente
Compreender a marcha, e ir tocando em frente,
Como um velho boiadeiro, levando a boiada
Eu vou tocando os dias pela longa estrada, eu vou,
Estrada eu sou.

Conhecer as manhas e as manhãs,
O sabor das massas e das maçãs,
É preciso amor pra poder pulsar, é preciso paz
Para poder sorrir, é preciso a chuva para florir.

Todo mundo ama um dia, todo mundo chora,
Um dia a gente chega, no outro vai embora,
Cada um de nós compõe a sua história, cada ser em si
Carrega o dom de ser capaz, e ser feliz,
Conhecer as manhas e as manhãs,
O sabor das massas e das maçãs,
É preciso amor pra poder pulsar, é preciso paz
Pra poder sorrir, é preciso a chuva para florir

Ando devagar porque já tive pressa,
E levo esse sorriso, porque já chorei demais,
Cada um de nos compõe a sua historia, cada ser em si
Carrega o dom de ser capaz, e ser feliz.

A

Deus pela vida
pelo que sou e por quem tenho ao meu lado.

Aos

Meus pais Marlene Müller Conti e Antonio Nobel Conti
que sempre estiveram, estão e sempre estarão caminhando
junto de mim, me apoiando e amando incondicionalmente.

À

Minha irmã Luciana Müller Conti, simplesmente por ser a
melhor irmã e amiga que alguém pode ter.

Ao

Meu irmão Guilherme Nobel Conti e sua família
pelo apoio.

DEDICO...

AGRADECIMENTOS

A **Deus**, criador e pai querido, pela força que tem dado para superar todos os obstáculos que surgem ao longo da minha vida;

A minha **família** por sempre acreditarem em mim, me apoiarem, amarem, respeitarem e suportarem.

À **Universidade Estadual de Maringá**, pelo suporte para a realização deste trabalho e por todas as oportunidades que me foram proporcionadas por esta instituição;

Ao **Programa de Pós-Graduação em Zootecnia** e a todos os professores que o compõem, pelos valiosos ensinamentos;

A **Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)**, pela concessão da bolsa de estudo, fundamental para a realização deste curso;

Ao meu orientador **Prof. Dr. Elias Nunes Martins**, por todo apoio, orientação, ensinamentos, auxílio e amizade durante todos esses anos;

À **Prof^a Dr^a Eliane Gasparino**, minha co-orientadora, pela amizade e ensinamentos;

À **Prof.^a Sueli Martins**, pela amizade durante todos esses anos.

Aos funcionários da FEI-UEM, **Antonio Moraes, José Trentin, Valentim Parma** e em especial **Célio Passolongo**, por toda ajuda prestada na realização deste trabalho. Ao motorista do ônibus UEM-FEI, **Vitório**, que contribuiu com sua ajuda por diversas vezes durante a condução desse experimento.

Aos secretários do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, **Waldirene Rossi da Silva** e **Denílson dos Santos Vicentin** sempre prestativos e pela amizade;

Ao grupo de pesquisa de nutrição de não-ruminantes e melhoramento genético animal que colaboraram desde a construção do galpão até a realização deste trabalho, **André Hidalgo, Andréia Michelli, Carina Fiorito, Carina Scherer, Guilherme Dias**,

Juliana B. Toledo, Leandro Perdigão, Letícia Lorençon, Luciane Freneda, Marcela Gimenes, Milene Hata e Thays Quadros;

Aos que se mostraram muito mais que simples companheiros de pesquisa ou de trabalho, aos amigos que jamais esquecerei e que conquistei durante a realização desse mestrado: **Alexandre Leseur dos Santos, Emilia P. Porto, Priscilla C. Georg**, e em especial aos que serei eternamente grata: **Ana Paula da Silva Ton e Ronaldo Martins;**

Aos meus queridos amigos da pós-graduação **Alexandra dos Santos, Andréia Fróes, Carlos Eduardo de O. Ramos, Carlos de Oliveira, Daniela Lino, Fernanda Ferelli, Fernanda Granzotto, Meiby Carneiro, Patrícia Faquino, Priscila B. Maclean, Tiago Casemiro, Vanderlei X. Sconparini e Wallacy dos Santos;**

A Associação Paranaense dos Estudantes de Zootecnia, e a sua diretoria e presidência: **Adauto P.G. Neto, Ana Carolina M. Leme, Juliana Ribeiro, João Filipe Torres, Lucas Gerardi Duarte, LÍlian C. Camilo, Marcio L. Barbato, Natalia Paulozzi Costa, Raphael F. Barbosa, Ricardo Barbero, Tais Martins e Tiago A. Toledo**, por disponibilizarem os computadores da sede da associação, mas principalmente pela amizade;

Aos meus grandes amigos **Alexandre Lucio dos Santos, Ana Paula Chicon, Claudia M. Fledel, Crodozil Silva, D'air G. Freitas Jr, Ellen Pavani, Fabio D. Galvani, Franciele Wietzycoski, Glisiane Sbrama, Jaqueline Moron Cotrim, Karina G. Gomes, Karina T. da Silva, Luciana e Fernando Andretto, Luciana Marquezine, Marco Antonio Santos, Mariana Pizani, Marlon Venâncio, Michele Oliveira, Paula e Tais Santana, Rafael Pessoa da Motta, Thais Barros, Vanessa V. Capaverde e Viviane Belini** que estiveram ao meu lado, mesmo que distantes, alguns presentes por mais tempo, outros menos, mas todos se mostrando sempre amigos e espero que conservemos essa amizade por toda a vida;

Enfim, a todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a condução deste trabalho, o meu muito obrigado. Que Deus os abençoe, esteja sempre ao lado de cada um, proporcionando a todos os sonhos e alegrias desejados.

BIOGRAFIA

ANA CAROLINA MÜLLER CONTI, filha de Antonio Nobel Conti e Marlene Müller Conti, nasceu em Pitangueiras, Estado de São Paulo, no dia 27 de janeiro de 1981.

Em março de 2005, conclui o curso de Zootecnia pela Universidade Estadual de Maringá.

Em fevereiro de 2005, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de mestrado, área de concentração Produção Animal, na Universidade Estadual de Maringá, realizando estudos em Melhoramento Genético Animal.

No dia 13 de dezembro de 2007, submeteu-se à banca para defesa da Dissertação de Mestrado.

ÍNDICE

	Páginas
LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO	xii
ABSTRACT	xiv
I INTRODUÇÃO GERAL	1
Coturnicultura no Brasil	1
1.2 Melhoramento Genético na Coturnicultura	2
1.3 Curva de Produção de ovos	3
1.4 Interação Genótipo x ambiente	6
LITERATURA CITADA	8
II OBJETIVOS GERAIS	11
III PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA CURVA DE PROBILIDADE DE POSTURA DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	12
Resumo	12
Abstract	13
Introdução	14
Material e Métodos	15
Resultados e Discussão	19
Conclusões	24
Literatura Citada	25
IV INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE NA CURVA DE PRODUÇÃO DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	26
Resumo	26
Abstract	27
Introdução	28
Material e Métodos	29
Resultados e Discussão	35
Conclusões	42
Considerações Finais	43
Literatura Citada	44

LISTA DE FIGURAS

	Páginas
PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA CURVA DE PROBABILIDADE DE POSTURA DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	
TABELA 1. Média da constante de regressão (b_0) e do coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$) e seus respectivos desvios padrão.	20
TABELA 2. Intervalo de credibilidade em nível de 90% e região de alta densidade para componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$)	21
TABELA 3. Componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$)	22
TABELA 4. Herdabilidade (diagonal), correlação genética (abaixo da diagonal) e correlação fenotípica (acima da diagonal) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1)	22
INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE NA CURVA DE PROBABILIDADE DE POSTURA DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	
TABELA 1. Composição química e energética das rações experimentais	30
TABELA 2. Composição percentual das rações experimentais	31
TABELA 3. Média da constante de regressão (b_0) e do coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$) no ambiente 1 e no ambiente 2 e seus respectivos desvios padrão..	35
TABELA 4. Intervalo de credibilidade em nível de 90% e região de alta densidade, para componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) da constante de regressão nos ambientes 1 e 2 (b_{01} e b_{02}) e do coeficiente de regressão nos ambientes 1 e 2 (b_{11} e b_{12}) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$).	38

TABELA 5. Componentes de variância genética aditiva (σ^2_a) para a constante de regressão no ambiente 1 e 2 para a constante de regressão (b_{01} e b_{02}) e para o coeficiente de regressão (b_{11} e b_{12}) da linhagem 1 ($L1$), da linhagem 2 ($L2$) e da linhagem 3 ($L3$).	38
TABELA 6. Herdabilidade (diagonal), correlação genética (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) da linhagem 1 ($L1$), da 2 ($L2$) e da 3 ($L3$) para a constante de regressão (b_{01} e b_{02}) e coeficiente de regressão (b_{11} e b_{12}) nos ambientes 1 e 2.	39

LISTA DE FIGURAS

	Páginas
PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA CURVA DE PROBABILIDADE DE POSTURA DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	
FIGURA 1. Curva de probabilidade de postura das três linhagens de codornas de postura	20
INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE NA CURVA DE PROBABILIDADE DE POSTURA DE TRÊS LINHAGENS DE CODORNAS DE POSTURA	
FIGURA 1. Curva de probabilidade de postura da linhagem 1 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).	22
FIGURA 2. Curva de probabilidade de postura da linhagem 2 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).	30
FIGURA 3. Curva de probabilidade de postura da linhagem 3 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).	31

RESUMO

O objetivo desse trabalho foi estimar os componentes de (co)variância genética e residual, bem como investigar a existência da interação genótipo ambiente em três linhagens de codornas de postura submetidas a dois tipos de alimentação: alta e baixa energia. O controle de postura foi realizado diariamente até o 90º dia a partir da postura do primeiro ovo, sendo realizado o mesmo procedimento para cada linhagem. Os dados de postura foram utilizados para ajustar uma regressão polinomial para cada ave, usando-se o método de Modelos Lineares Generalizados, utilizando o software GLIM 4.0, admitindo-se distribuição binomial e função de ligação logit. Para as análises genéticas os parâmetros das curvas de produção individuais foram considerados como variáveis biológicas e avaliadas por meio de modelos animais multi-características. Foram feitas as estimações dos componentes de variância genética aditiva e residual, por meio do software MTGSAM. Na análise bicarater, as herdabilidades estimadas para b_0 foram 0,031; 0,009 e 0,387, e para b_1 : 0,091; 0,763 e 0,443 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. A correlação genética entre os dois parâmetros foi de 0,88; -0,113 e -0,984 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente.. Para obter os ganhos genéticos, a seleção deve ser baseada no b_1 nas linhagens 2 e 3, e devido a correlação genética entre os parâmetros nessas duas linhagens ter sido negativa, haverá também ganho genético no parâmetro b_0 . Além disso, estes resultados indicam diferenciação entre as linhagens, o que pode ser explorado em programas de melhoramento genético. Na análise tetracarater, na qual a performance de genótipos em diferentes ambientes é considerada como outra característica, as herdabilidades estimadas para b_0 no ambiente 1 foram: 0,003; 0,002 e 0,282, e para b_1 : 0,065; 0,034 e 0,379; para b_0 no ambiente 2: 0,003; 0,004 e 0,442 e para b_1 0,048; 0,514 e 0,502 para as linhagens 1 2 e 3, respectivamente.

De forma geral a herdabilidade foi maior no ambiente 2, indicando que um programa de seleção seria mais eficiente se realizada nesse ambiente. As correlações genéticas entre os ambientes para b_0 foram: 0,255; 0,234 e 0,987 e para b_1 0,408; 0,294 e 0,928 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. Indicando existência de interação x genótipo ambiente nas linhagens 1 e 2. Na linhagem 3, a seleção pode ser praticada no ambiente de maior energia e a progênie criada em outro ambiente sem que haja prejuízos na expressão das características da curva de produção de ovos. Já para as linhagens 1 e 2 é recomendável que a progênie seja criada no mesmo ambiente nos quais os pais foram selecionados, para que se obtenha o ganho genético esperado.

Palavras chaves: interação genótipo ambiente, curva de probabilidade de postura, herdabilidade.

ABSTRACT

The objective of this work was to estimate genetic and residual (co)variance components as well as to investigate the existence of the genotype environment interaction, in three lines of laying quails under two feeding types: high and low energy. The posture control was daily accomplished until to the 90th day starting from the first egg laying in each line. The daily egg production data were used to fit a polynomial regression for each animal, using the method of Linear Models Generalized, using the software GLIM 4.0, and assuming that it is a binomial distribution and logit link function. For the genetic analyses the parameters of the individual production curves were considered as biological traits under a multi-trait animal model. The residual and genetic variance components were estimated using the software MTGSAM. In two-trait analyzes the heritability estimative for b_0 were 0.031, 0.009 and 0.387, and for b_1 : 0.091, 0.763 and 0.443 for lines 1, 2 and 3, respectively. The genetic correlation between b_0 and b_1 was 0.88; -0.113 and -0.984 for the lines 1, 2 and 3, respectively. To produce genetic improvement, the selection should be based on the b_1 in lines 2 and 3, and due to genetic correlation among the parameters, in those two lines, to be negative; it will also have improvement genetic in the parameter b_0 . Besides, these results indicate differentiation between lines that can be explored in genetic improvement programs. In the four-trait analyzes, which the performance in different environments is considered as different traits, the heritability estimated for b_0 in the environment 1, for lines 1, 2 and 3 were, respectively: 0.003, 0.002 and 0.282, and for b_1 : 0.065, 0.034 and 0.379; for b_0 in the environment 2: 0.003, 0.004 and 0.442 and for b_1 0.048, 0.514 and 0.502. In a

general way the heritability was higher in the environment 2, indicating that a selection program would be more efficient if performed in this environment. The genetic correlations between the environments for b_0 were: 0.255, 0.234 and 0.987 and for b_1 0.408, 0.294 and 0.928 for lines 1, 2 and 3, respectively. These results indicated a strong genotype by environment interaction in lines 1 and 2. In line 3 the selection can be practiced in the environment of higher energy and the progenies reared in other environment, without damages in the expression of the eggs production curve. Already for lines 1 and 2 the progeny should be reared in the same environment that the parents were selected.

Key words: body: genotype and environment interaction, eggs production curve, heritability.

I. INTRODUÇÃO GERAL

1.1. Coturnicultura no Brasil

A criação de codornas foi introduzida no Brasil no início da década de 60, visando principalmente a produção e comercialização de ovos "in natura" da ave *Coturnix coturnix japonica*. Submetidas a seleção e melhoramento durante séculos pelos japoneses, a codorna utilizada no Brasil para produção de ovos, possui altos índices de produtividade (80-95%). Esta ave produz, em média, cerca de trezentos ovos por ciclo produtivo (12 meses) (Oliveira, 2001).

A coturnicultura, durante anos, foi considerada como uma criação exclusiva para pequenos produtores, no entanto, atualmente dentre as diversas atividades do setor avícola, a coturnicultura vem se destacando no mercado agropecuário brasileiro como excelente atividade produtiva. O aumento do consumo de ovos de codorna pela população brasileira, a eficiência produtiva dessas aves, a possibilidade de diversificação de comercialização desses ovos, os baixos custos com investimento inicial e mão-de-obra, a utilização de pequenas áreas e o rápido retorno do capital investido são alguns dos fatores responsáveis por esta mudança.

A avicultura comercial tem obtido excelente progresso nas últimas quatro décadas. Entre as espécies de maior interesse econômico, cujo progresso tem sido notável, estão as galinhas de postura, os frangos de corte, os perus, as codornas, os marrecos e as galinhas d'angola. Parte do referido progresso é devido a eliminação de linhagens menos produtivas e ao melhoramento no manejo das aves, porém uma parte substancial é devido a seleção artificial (Figueiredo, 1996).

Segundo dados publicados pelo IBGE na pesquisa sobre a Produção da Pecuária Municipal do ano de 2003, o plantel de codornas no Brasil, que em 2002 era de aproximadamente 5.500.000 aves cresceu cerca de 8%, totalizando pouco mais de 5.980.000 aves. A produção foi de 96.051 mil dúzias, gerando R\$ 49.500.000,00. A região Sudeste concentra mais de 58% do plantel, sendo a cidade de Bastos, no estado de São Paulo, a maior produtora de ovos de codorna do país, com mais de 700.000 animais e uma produção de aproximadamente 14.900.000 ovos.

1.2. Melhoramento Genético na Coturnicultura

A exemplo do que acontece na criação de galinhas de postura há uma tendência em especialização de tarefas, e para tanto, há a implantação de avozeiros e matrizeiros com maior infra-estrutura, maior qualidade genética e sanitária, possibilitando a entrega de excelentes animais para as granjas de postura.

O desenvolvimento de material genético superior dá-se por meio de programas de melhoramento genético, em que são usados plantéis de reprodução formados a cada geração a partir da seleção dos animais geneticamente superiores que são multiplicados para formar a próxima geração. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características e dos critérios de seleção. As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais são parâmetros peculiares da população que se está estudando, podendo variar de população para população, de acordo com diversos fatores a que estejam submetidas (Falconer, 1987).

O Brasil não dispõe de material genético próprio especializado, tanto para produção de ovos quanto de carne dessas aves, ficando na dependência de matrizes importadas. Assim, para obter material genético de qualidade, são necessários programas de melhoramento bem fundamentados, embasados em parâmetros genéticos acurados e precisos.

O esquema para o desenvolvimento de material genético em codornas deve seguir o mesmo procedimento praticado para galinhas de postura e frangos de corte, ou seja, o desenvolvimento de linhagens por seleção para características complementares ou não, visando a exacerbação dos efeitos genéticos aditivos, e o posterior cruzamento para

explorar a heterose e recuperar os efeitos de uma possível depressão causada pela endogamia (Martins, 2002).

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente é de grande importância em programas de melhoramento genético. A avaliação genética busca identificar indivíduos portadores de genes desejáveis, de forma que, quando usados na reprodução, transmitam a próxima geração. Como não se pode medir o valor genético diretamente, e sim o valor fenotípico, utiliza-se de técnicas de estimação. A predição dos valores genéticos é diretamente dependente dos componentes de variância e covariância das características de interesse econômico, sendo fundamentais no melhoramento genético, na estimação de parâmetros e predição de valores genéticos que serão utilizados como critérios de seleção. Dentre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades.

Recentemente, métodos Bayesianos vêm sendo propostos como uma opção na avaliação do mérito genético de animais, possibilitando a obtenção de estimativas pontuais e intervalos de credibilidade para as distribuições *a posteriori* dos parâmetros, sem aproximações ou uso de pressuposições de normalidade, representando uma vantagem sobre os métodos clássicos, também chamados de métodos frequentistas, como o de máxima verossimilhança restrita (Falcão et al., 2004). Uma diferença fundamental entre as abordagens clássica e Bayesiana é que a clássica considera o parâmetro como uma constante, enquanto a Bayesiana entende o parâmetro como uma variável aleatória que obedece a uma determinada distribuição de probabilidade (Barreto & Andrade, 2000).

O ajustamento de uma curva de produção, as estimativas dos componentes de variância dos parâmetros dessa curva e a avaliação da existência de interação genótipo ambiente das aves fornecem dados importantes para o melhoramento da espécie.

1.3. Curva de Produção de ovos

A manutenção da produção de ovos durante todo o ano é alcançada mediante as melhorias que vêm sendo obtidas nas áreas de manejo, nutrição e principalmente do melhoramento genético. A continuidade da produção de ovos durante o ano é de grande importância econômica, visto que o consumidor torna-se cada vez mais exigente em

relação a existência do produto na prateleira. A descrição de uma curva de postura colabora com a eficiência de uma granja, pois determina o fluxo de produção (Piccinin et al., 2005)

Segundo Preisinger & Flock, (2000), apesar de seleção intensa para produção de ovos em poedeiras a diminuição na variação genética observada dentro de linhas comerciais fechadas não são, contudo críticas. O pico da produção chega ao seu limite biológico de um ovo por dia. Durante este período a variância genética e fenotípica são significativamente reduzidas. Mas para início de postura e persistência da produção a variação genética ainda é alta. Apesar de tal inferência referir-se a galinhas poedeiras, essa consideração pode também se aplicar a codornas de postura.

Fialho et al (2001), em pesquisas com aves de postura, afirmou ser comum a necessidade de testar o efeito de diferentes tratamentos (dietas, manejo, genótipos, etc.) na produção de ovos e o total de ovos produzidos fornece pouca informação a respeito da curva de produção. Para aumentar a qualidade dessa informação, às vezes é necessário decompor a produção total na produção em vários períodos (por exemplo, a produção a cada 4 semanas). Entretanto, isso apresenta alguns inconvenientes. Apesar de se ter mais informação, a interpretação das produções parciais nem sempre é clara. Este tipo de estudo foi realizado por Santos (2003), que estimou componentes de (co)covariância, correlações genéticas e fenotípicas e herdabilidade de três linhagens de codornas de postura, utilizando dados de produção total e parcial de ovos.

Como já vem sendo realizado em gado de leite, existe nas pesquisas de produção de ovos a tendência ao fracionamento da produção a fim de se obter resultados que melhor represente o comportamento biológico da característica estudada. Segundo Herderson Jr. (1982) o modelo de regressão aleatória é uma metodologia que analisa com maior precisão as medidas repetidas, como as curvas de produção de leite durante o período de lactação, ou como a curva de crescimento de bovinos (Sakaguti et al., 2002) e a curva de produção de ovos (Luo et al., 2007).

Muitos autores utilizam a produção total, ou produções parciais ou ainda a porcentagem de postura para ajustar curvas de produção. Luo, et al. (2007) utilizaram modelos de regressão aleatória para ajustar curva de produção de ovos em galinhas de postura e estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos das produções parciais e total dessas aves. Anang, et al.(2000) analisaram diferentes tipos de regressões (fixas e aleatórias) utilizando dados de postura mensais e a produção acumulada nos cinco primeiros meses de postura. Os mesmos autores em 2002 utilizaram cinco modelos de

regressão aleatória derivados de provas de desempenho de gado leiteiro para ajustar curvas de produção de ovos em galinhas poedeiras.

Alguns autores têm utilizado a produção total e ajustado curvas através de funções de alisamento, como no trabalho de Piccinin et al. (2005), que analisou a curva de produção de três linhagens de codornas de postura.

Szwaczkowski et al. (2006), trabalhando com duas linhagens de galinhas poedeiras, utilizaram a produção mensal para ajustar regressões fixas e aleatórias e usar os parâmetros dessas regressões como características biológicas e estimar parâmetros genéticos e fenotípicos da curva de produção de ovos. Encontraram valores para herdabilidade relativamente baixos, que variaram entre 0,02 e 0,2 para as regressões fixas, já nas regressões aleatórias encontraram valores pouco superiores a 0,5. Esses valores foram semelhantes ao encontrados por Anang et al. (2002).

Contudo as regressões fixas ou aleatórias utilizadas para descrever o comportamento da curva de produção fornecem muitos parâmetros, o que é desfavorável para a análise genética e para interpretação biológica dos resultados. Essas regressões são muito utilizadas, pois ao invés de se trabalhar com os dados de postura, uma característica qualitativa, que tem distribuição binomial (ocorrência ou não de postura), trabalha se com dados acumulados, transformando a em uma característica quantitativa.

Dessa forma, a linearização da produção diária de cada ave, através do Método de Modelos Lineares Generalizados, utilizando se uma função de ligação que fornece parâmetros de fácil interpretação biológica, pode ser uma solução para estimação de componentes de (co)variância da curva de produção de ovos. .

Os parâmetros dessa curva, quando considerados variáveis biológicas para uma análise de variância genética aditiva e residual, fornecem dados através dos quais é possível basear um sistema de melhoramento genético. Conti et al. (2005) utilizou dados de pesos semanais de codornas de postura para ajustar uma curva de crescimento. Os parâmetros de dessa curva foram considerados variáveis biológicas para a estimação de componentes de (co)variância genética e fenotípica dessas aves. Fiorito (2006) utilizou os dados de postura para ajustar uma curva de produção, utilizando o Método de Modelos Lineares Generalizados, e usou os parâmetros dessa curva para estimar os componentes de (co)variância genética aditiva e residual em linhagens de codornas de postura.

Há a necessidade de se testar modelos de regressão com os quais se deseja trabalhar, para que se encontre a que melhor represente os dados amostrais, e para tanto, faz-se necessário o uso do coeficiente de determinação (R^2), a fim de verificar qual função de ligação e qual ordem de regressão melhor se ajusta aos dados observados.

1.4. Interação Genótipo x Ambiente

Existe uma interação genótipo x ambiente quando as diferenças entre genótipos dependem do ambiente em que estes estão sendo expressos, desta forma, pode haver alteração do valor dos genótipos em diferentes ambientes. Falconer (1987) descreve a interação como um fenômeno em que uma diferença específica de ambiente pode ter maior efeito sobre alguns genótipos do que sobre outros, ou pode haver uma alteração na ordem do mérito de uma série de genótipos, quando medidos em diferentes ambientes, ou seja, ambientes diferentes afetam de forma desigual vários genótipos. Essa interação implica que para cada ambiente específico poderá haver um genótipo mais adequado. Assim sendo, havendo interação de um ambiente que seja relativamente menos oneroso ao produtor com algum genótipo específico, existe a possibilidade de se usar todo o potencial genético do animal.

O termo genótipo pode referir-se a diferentes linhagens, enquanto manejo, nutrição, localidade e alojamento podem ser considerados como ambientes.

Pouca ênfase tem sido dada para o desenvolvimento de soluções genéticas para esses problemas de produção induzidos pelo ambiente (Emmerson, 1997).

Com o avanço do melhoramento genético existe a tendência de que esse efeito de interação seja cada vez mais considerado, buscando uma seleção direcionada e relacionada de determinado genótipo com determinado ambiente.

Comumente um animal é selecionado em um ambiente e sua prole criada em outro ambiente, e dessa forma, a resposta a seleção pode não ser a esperada. A predição dessa resposta a seleção seria mais eficiente se o melhorista considerasse a correlação entre a variância genética entre os dois ambientes. Este fato denota a importância da investigação da existência de interação genótipo x ambiente.

A presença de interações genótipos x ambiente, além de limitar as inferências de como diferentes genótipos respondem em vários ambientes, também influenciam a estimativa dos valores genéticos aditivos dos candidatos a seleção. Alguns experimentos

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

A interação genótipo x ambiente pode ser avaliada pela inclusão da interação genótipo x ambiente no modelo quantitativo ou considerando a performance de genótipos em diferentes ambientes como diferentes características e estimando a correlação genética entre essas características. Uma alta correlação indica que as características são controladas pelo mesmo conjunto de genes e uma baixa correlação indica que as características são controladas por um conjunto diferente de genes (Corrêa, et al, 2006). A herdabilidade é outro indicador da existência ou não da interação genótipo ambiente. O fato de ocorrer valores de herdabilidade muito desiguais nos diferentes ambientes indica que os genótipos responderiam de forma diferenciada se for praticada seleção.

LITERATURA CITADA

- ANANG, A; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Genetic and phenotypic parameters for egg production in White Leghorn hens. *J. Anim. Bredd. Genet.*, v.118, p.407-415, 2000.
- ANANG, A; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. **Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random Regression.** *British Poultry Science*, n.3, v.43, p.384-390, 2002.
- BARRETO, G. A.& ANDRADE, M. G., **Estimação paramétrica de modelos auto-regressivos via estatística Bayesiana e simulação de Monte Carlo.** 2000. Disponível em: <<http://www.deti.ufc.br/~guilherme/PAPERS/cba2000a.pdf>> Acesso em: 28/09/2007.
- CONTI, A.C.M., PAIVA E., GEORGE P.C. et al. **Componentes De (Co)Variância Dos Parâmetros da Curva de Crescimento de Codornas de Postura.** In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiania: CD- ROM, Melhoramento Genético Animal.
- CORRÊA, G.S.S., SILVA, M.A., DIONELLO, N.J.L et al.. **Genotype By Environment Interaction For Production Traits Of Meat Type Quail During The Growing Phase.** In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. **Anais CD-ROM**
- CORRÊA, G.S.S., SILVA, M.A., DIONELLO, N.J.L et al.. **Genotype By Environment Interaction For Production Traits Of Meat Type Quail During The Growing Phase.** In: 8th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. **Anais...** CD-ROM
- EMMERSON, D.A. **Commercial Approaches To Genetic Selection For Growth And Feed Conversion in Domestic Poultry.** *Poultry Science*, v.76. p.1121-1125, 1997
- FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N.; et al., **Aplicação De Métodos Reml E Bayesiano Via Amostrador De Gibbs Na Estimação De Componentes De Variância Para Produção De Leite No Estado Do Paraná.** In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga.
- FALCONER, D.S. **Introdução À Genética Quantitativa.** Trad. Martinho de Almeida e Silve e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FIALHO, F.B.; LEDUR, M.C.; AVILA, V.S., **Método Para Comparar Curva De Produção De Ovos Usando um Modelo Matemático.** Comunicado Técnico 293. Embrapa Suínos e Aves, 2001, p. 1-4.

- FIGUEIREDO, E.A P. **Limites Fisiológicos do Melhoramento Genético de Aves: Teoria e Prática.** In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35, 1997. **Simpósios...** p.337-353 Disponível em <http://www.cnpsa.embrapa.br/sgc/sgc_publicacoes/sbz35_sim_p337.pdf> Acesso em: 15/10/2007.
- FIORITO, C. **Interação Genótipo x Ambiente na Produção de Ovos de Codornas de postura.** Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006. Monografia (Graduação em Zootecnia). p 14. Melhoramento Genético Animal.
- HENDERSON Jr., C.R. **Analysis Of Covariance In The Mixed Model: Hogher-Level, Nonhomogeneous, and Regressions.** Biometrics, v.38, p.623-640, 1982.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção da Pecuária Municipal,** 2003. Brasília, DF. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/ppm/2003/ppm2003.pdf>>. Acesso em: 10/10/2007.
- LUO, P.T.; YANG, R.Q.; YANG, N. **Estimation of Genetic Parameters for Cumulative Egg Numbers in a Broiler Dam Line using a Randon Regression Model.** Poultry Science. n.86, p.30-36, 2007.
- MARTINS, E.N. **Perspectivas Do Melhoramento Genético De Codornas No Brasil.** In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 01, 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2002. p.109-112.
- OLIVEIRA,E.G. **Pontos críticos no manejo e nutrição de codornas.** In: Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Aves e Suínos e Tecnologia da Produção de Rações, 2001, Campinas. **Anais...** Campinas: CBNA, 2001,p. 71-96.
- PICCININ , A.; Malhado, C. H. M., Ramos, A. A., Gonçalves, H. C., Gimenez , J. N., Móri C., Andriquetto C., **Análise da Curva de Postura de Codornas utilizando o Estimador de Alisamento Spline.** **Anais...** Goiânia, SBZ, 2005. CD-ROM
- PREISINGER, R & FLOCK D. K., **Genetic changes in layer breeding: Historical Trends and Future Prospects.** Occasional Publications of the British Society of Animal, 2000 Disponível em: <<http://bsas.org.uk/downloads/genchan/paper3.pdf>>. Acesso em: 03/10/2007.
- SANTOS, A.I.. **Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos para Produções Parciais e Total de Ovos em Codornas de Postura.** Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2003. Monografia (Graduação em Zootecnia). Melhoramento Genético Animal.
- SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; MARTINS, E.N.et al. **Trajatória De Crescimento E Efeito Da Idade Da Vaca Nos Modelos De Regressão Aleatória De Bovinos Jovens Da Raça Tabapuã.** Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.54, n.4, p.414-423, 2002.

SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. **Genetic Evaluation In Laying Hens Based On Fixed And Random Regression Models**. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. Anais CD-ROM

TON, A.P.S., MARTINS, E.N., SAKAGUTI, E.S. et al. **Estimativa da Interação Genotipo x Ambiente Na Produção de Ovos de Codornas De Postura**. In: II SIMPÓSIO INTERNACIONAL E I CONGRESSO BRASILEIRO DE COTURNICULTURA, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2004. p.235

II. OBJETIVOS GERAIS

Os objetivos deste trabalho foram ajustar uma curva de produção de ovos, estimar parâmetros genéticos e fenotípicos dos parâmetros dessa curva e a verificação da existência de interação genótipo x ambiente existente em três linhagens de codornas de postura criadas em dois ambientes distintos.

III. Parâmetros genéticos e fenotípicos da curva de probabilidade de postura de três linhagens de codornas de postura

RESUMO: O objetivo desse trabalho foi estimar os componentes de (co)variância genética e residual, correlações genéticas e fenotípicas e a herdabilidades em três linhagens de codornas de postura submetidas a dois tipos de alimentação: alta e baixa energia. O controle de postura foi realizado diariamente até o 90º dia a partir da postura do primeiro ovo, sendo realizado o mesmo procedimento para cada linhagem. Os dados de postura foram utilizados para ajustar uma regressão polinomial para cada ave, usando o método de Modelos Lineares Generalizados, utilizando o software GLIM 4.0, admitindo-se distribuição binomial e função de ligação logit. Para as análises genéticas os parâmetros das curvas de produção individuais foram considerados como variáveis biológicas e avaliadas por meio de modelos animais multi-características. Foram feitas as estimações dos componentes de variância genética aditiva e residual, por meio do software MTGSAM. As estimativas de herdabilidade para b_0 foram 0,031; 0,009 e 0,387, e para b_1 : 0,091; 0,763 e 0,443 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. A correlação genética entre os dois parâmetros foi de 0,88; -0,113 e -0,984 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. Para obter ganhos genéticos, a seleção deve ser baseada no parâmetro b_1 nas linhagens 2 e 3. A linhagem 1, além de ter obtido uma herdabilidade baixa para os dois parâmetros, a correlação genética entre os parâmetros foi positiva, indicando que a seleção em direção em uns dos parâmetros levaria a uma diminuição no valor genético do outro parâmetro, embora não cause prejuízos a produção de ovos, pois a correlação fenotípica foi negativa. Além disso, estes resultados indicam diferenciação entre as linhagens, o que pode ser explorado em programas de melhoramento genético, através de seleção e cruzamentos.

Palavras chaves: componentes de variância, herdabilidade, probabilidade de postura.

Genetic parameters of production curve in laying quails

ABSTRACT: The objective of this work was to estimate genetic and residual (co)variance components as well as to investigate the existence of the genotype and environment interaction, in three lines of laying quails under two feeding types: high and low energy. The posture control was accomplished daily until the 90th day starting from the first egg laying in each line. The daily egg production data were used to fit a polynomial regression for each animal, using the method of Linear Models Generalized, using the software GLIM 4.0, and assuming that it is a binomial distribution and logit link function. For the genetic analyses the parameters of the individual production curves were considered as biological traits under a multi-trait animal model. The residual and genetic variance components were estimated using the software MTGSAM. The heritability estimates for b_0 were 0.031, 0.009 and 0.387, and for b_1 : 0.091, 0.763 and 0.443 for lines 1, 2 and 3, respectively. The genetic correlation between b_0 and b_1 was 0.88, -0.113 and -0.984 for lines 1, 2 and 3, respectively. To produce genetic improvement, the selection should be based on the b_1 in lines 2 and 3, and due to genetic correlation among the parameters in those two lines to be negative; it will also have improvement genetic in the parameter b_0 . Besides, these results indicated differentiation between the lines that can be explored in genetic improvement programs.

Key words: body: eggs production curve, heritability, variance components.

Introdução

A contribuição do melhoramento genético na evolução da avicultura pode ser considerada como a mais expressiva, quando comparada ao que ocorreu em outras explorações zootécnicas, contudo, na coturnicultura os avanços em genética são um pouco restritos. Submetidas à seleção durante séculos por japoneses, a codorna utilizada no Brasil (*Coturnix coturnix japonica*), para produção de ovos, possui altos índices de produtividade (80-95%). Esta ave produz, em média, cerca de trezentos ovos por ciclo produtivo (12 meses) (Oliveira, 2001).

O desenvolvimento de material genético superior dá-se por meio de programas de melhoramento genético, em que são usados plantéis de reprodução formados a cada geração a partir da seleção dos animais geneticamente superiores que são multiplicados para formar a próxima geração. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características e dos critérios de seleção. As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais são parâmetros peculiares da população que se está estudando, podendo variar de população para população, de acordo com diversos fatores a que estejam submetidas (Falconer, 1987).

Em pesquisas com aves de postura, é comum a necessidade de testar o efeito de diferentes tratamentos (dietas, manejo, genótipos, etc.) na produção de ovos. O total de ovos produzidos fornece pouca informação a respeito da curva de produção. Para aumentar a qualidade dessa informação, às vezes é necessário decompor a produção total na produção em vários períodos. Entretanto, isso apresenta alguns inconvenientes. Apesar de se ter mais informação, a interpretação das produções parciais nem sempre é clara (Fialho et al, 2001). Assim, a linearização da produção diária de cada ave, através

de uma função de ligação, que fornece parâmetros de fácil interpretação biológica pode ser uma solução.

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

Assim, objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos da curva de probabilidade de postura de três linhagens de codornas de postura.

Material e Métodos

Este trabalho foi desenvolvido no setor de coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, da Universidade Estadual de Maringá, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007.

Foram utilizadas três linhagens de codornas de postura, denominadas de linhagens 1, 2 e 3 (*L1*, *L2* e *L3*), pertencentes ao programa de desenvolvimento de linhagens de codornas de postura da Universidade Estadual de Maringá.

O plantel de reprodução foi constituído de 200 fêmeas e 100 machos para cada linhagem. As aves foram alojadas em gaiolas individuais, com dimensões de 0,11 x 0,20 x 0,16 m (largura x profundidade x altura), localizadas no galpão de coturnicultura, que possui 6,50m de largura x 33,0m de comprimento, com cobertura de telha de barro, piso concretado e paredes laterais de 0,30m de altura e o restante com tela de arame até o telhado, provida de cortinas laterais. Os bebedouros eram do tipo *nipple*, e o comedouro do tipo calha, disposto na frente das gaiolas. A ração era fornecida à vontade e o

programa de iluminação utilizado era iluminação natural + artificial, totalizando 17 horas por dia.

As fêmeas receberam ração de postura, formulada conforme recomendações do NRC (1994).

Foram coletados ovos em dois períodos de sete dias e incubados. Após 15 dias na incubadora, os ovos foram transferidos para a câmara de eclosão. Os ovos foram colocados em bandejas com divisão interna, de maneira que os ovos de uma mesma fêmea ocupassem um único compartimento. Isto permitiu o anilhamento dos pintainhos ao nascimento com anotação da genealogia.

Os pintainhos foram criados até os 28 dias de idade em piso com cama de cepilho de madeira, recebendo ração de crescimento conforme recomendações do NRC (1994)

Após esse período as aves foram separadas por sexo, alojando-se as fêmeas em gaiolas como descritas para as matrizes da população base. As fêmeas foram divididas em dois grupos, de tal forma que cada matriz tivesse filhas nos dois grupos. Assim formou-se dois ambientes distintos, em um os animais eram submetidos a uma alimentação com baixa energia (2.500 Mcal/kg de energia metabolizável) e no outro ambiente, as aves recebiam alimentação com um maior nível de energia (2.900 Mcal/kg de energia metabolizável).

O controle de postura foi realizado diariamente até o 90º dia a partir da postura do primeiro ovo, sendo realizado o mesmo procedimento para cada linhagem.

Os dados de postura foram utilizados para ajustar uma regressão polinomial para cada ave, usando a metodologia dos Modelos Lineares Generalizados, usando o software GLIM 4.0, admitindo-se distribuição binomial (1 para presença do ovo e 0 para ausência do ovo no dia) e função de ligação logit, na forma:

$$\hat{y} = \frac{\exp\{b_0 + (b_1 \cdot dia)\}}{1 + [\exp\{b_0 + (b_1 \cdot dia)\}]}$$

Em que:

\hat{y} é a probabilidade de postura no dia i ;

b_0 é a constante de regressão e refere-se ao início da postura;

b_1 é o coeficiente de regressão linear e refere-se a velocidade que se alcança o pico da postura;

dia é o número de dias a partir do primeiro ovo na linhagem.

Para as análises genéticas os parâmetros das curvas de produção individuais foram considerados como variáveis biológicas subjacentes e avaliadas por meio de modelos animais multi-características. Foram feitas as estimações dos componentes de variância genética aditiva e residual, por meio do software MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (Van Tassel e Van Vleck, 1995), que permite a inferência Bayesiana acerca dos componentes de variância, empregando-se o modelo animal multi-características.

O modelo utilizado para a estimação dos componentes de variância foi como segue:

$$y = X\beta + Za + e$$

equivalente ao modelo:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1 e y_2 , são vetores de observações para as constantes de regressão e coeficiente

linear da curva de produção;

X_1 e X_2 são as matrizes de incidência dos efeitos fixos de rações contidos nos vetores β ;

Z_1 , e Z_2 são as matrizes de incidência dos valores genéticos contidos no vetor a ;

a_1 , e a_2 , são os vetores dos efeitos genéticos diretos associados ao vetor y ;

e_1 , e e_2 , são os vetores de erros aleatórios associados ao vetor y .

Foi admitida a seguinte distribuição conjunta para y , a e e .

$$\begin{bmatrix} Y \\ a \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & \phi \\ R & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

V é a matriz de variância e covariância das observações dada por $ZGZ' + R$;

G é a matriz de variância e covariância genética aditiva dada por, $G = G_0 \otimes A$ sendo

A é a matriz de coeficientes de parentescos, \otimes é o produto de Kronecker, e G_0 a matriz de variância e covariância genética aditiva, dada a seguir:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

$\sigma_{a_x}^2$ são as variâncias genéticas aditivas, onde x representa a constante de regressão (b_0) ou o coeficiente de regressão linear (b_1);

$\sigma_{a_x a_y}$ são as covariâncias genéticas, onde x e y representam a constante de regressão (b_0) e o coeficiente de regressão linear (b_1) da curva de produção;

R é a matriz de variância e covariância residual dada por $R = R_0 \otimes I$, sendo I a matriz identidade e R_0 a matriz de variância e covariância residual, dada a seguir:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

$\sigma_{e_x}^2$ são as variâncias residuais, onde x representa a constante de regressão (b_0) ou o coeficiente de regressão linear (b_1);

σ_{e,x,e_y} são as covariâncias residuais, onde x e y representam a constante de regressão (b_0) e o coeficiente de regressão linear (b_1);

Admitiu-se que, para os efeitos fixos não existe nenhum conhecimento inicial, tendo uma distribuição inicial uniforme, que a distribuição dos efeitos aleatórios é normal multivariada e que a distribuição dos resíduos é normal multivariada. Para valores genéticos, considerou-se a estrutura de covariância conhecida dada pela matriz de parentesco. Para os componentes de variância considera-se como distribuição a de Wishart Invertida (*IW*).

Para a estimação Bayesiana, pelo conjunto de programas MTGSAM, para a linhagem 3 foi gerada uma cadeia de Gibbs de 2.600.000 ciclos, e para as linhagens 1 e 2 foram geradas cadeias de 5.100.000 ciclos. As amostras foram retiradas a cada 1.000 ciclos, após a eliminação de 100.000 ciclos iniciais, sendo obtidas 2.500 amostras dos componentes de (co)variância, para linhagem 3 e 5.000 amostras dos componentes para as linhagens 2 e 3, o que permitiu o estabelecimento dos intervalos de credibilidade, ao nível de 90% e a região de alta densidade.

A convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs para cada um dos grupos analisados foi monitorada por meio do teste de diagnóstico Heidelberger e Welch disponíveis no pacote CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) do programa R (2004).

Usando as amostras dos componentes de variância, foram obtidas estimativas para as herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas.

Resultados e Discussão

A postura passou a ser acompanhada após o primeiro ovo de cada linhagem, sendo que para a linhagem 1, isso ocorreu aos 31 dias e para as linhagens 2 e 3, aos 41

dias de idade. Na Tabela 3, são apresentados os valores médios para os parâmetros da curva de produção de ovos das três linhagens de codornas de postura e seus respectivos desvios padrão, de acordo com a metodologia dos modelos lineares generalizados e função de ligação logit. . Utilizando-se dessas médias foi possível gerar uma curva de probabilidade de postura para cada linhagem.

TABELA 1. Média da constante de regressão (b_0) e do coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3) e seus respectivos desvios padrão.

TABLE 1. Average of the regression constant (b_0) and of the regression coefficient (b_1) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3) and their respective standard errors.

	b_0	b_1
L1	$-2,57 \pm 7,79$	$0,31 \pm 1,02$
L2	$-3,48 \pm 7,98$	$0,29 \pm 0,92$
L3	$-4,99 \pm 11,97$	$0,37 \pm 0,81$

Observando a Tabela 1, nota-se que a linhagem 3 obteve a menor constante de regressão, contudo foi a linhagem que apresentou a maior média para o coeficiente de regressão linear, demonstrando que essa linhagem, apesar de um início tardio na postura, alcança seu pico de postura em uma velocidade pouco maior que as demais linhagens. A linhagem 1 apresentou melhor desempenho considerando que apresentou o melhor b_0 e um b_1 razoável. Tais diferenças entre as linhagens são evidenciadas nas curvas de probabilidade de postura, apresentadas na Figura 1.

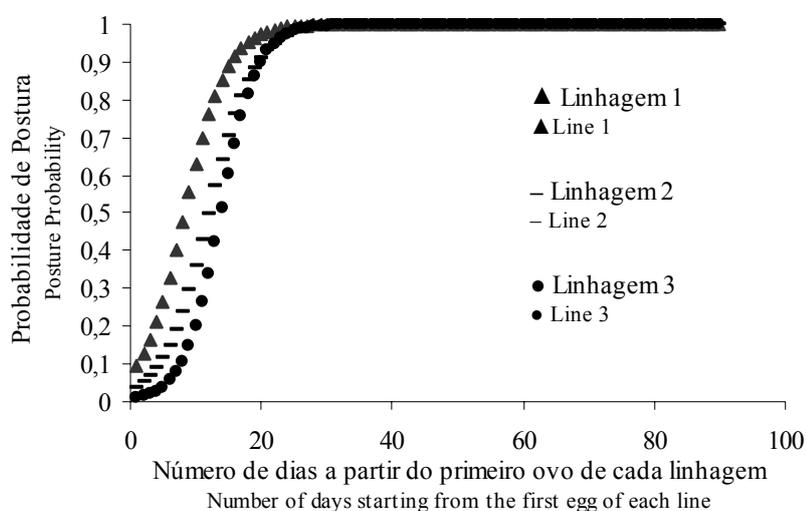


FIGURA 1. Curva de probabilidade de postura das três linhagens de codornas de postura.
FIGURE 1. Posture probability curve of three lines of laying quails.

Variâncias e covariâncias

Na Tabela 2, são apresentados o Intervalo de credibilidade e região de alta densidade em nível de 90%, para componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) e residual ($\sigma^2 e$), para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

TABELA 2. Intervalo de credibilidade em nível de 90% e região de alta densidade para variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) da constante de regressão (b_0) e do coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

TABLE 2. Credibility interval (IC) in level of 90% and area of high density (RAD) for additive genetic variance ($\sigma^2 a$) of regression constant (b_0) and of regression coefficient (b_1) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3)

		Intervalo de Credibilidade	Região de Alta Densidade
L1	b_0	0,03 - 0,56	0,02 - 0,37
	b_1	0,03 - 0,08	0,03 - 0,07
L2	b_0	0,09 - 1,88	0,04 - 1,23
	b_1	0,02 - 0,06	0,02 - 0,05
L3	b_0	25,98 - 92,23	23,79 - 88,47
	b_1	0,15 - 0,48	0,15 - 0,46

Comparando os intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade observa-se de forma geral, que as distribuições *a posteriori* dos componentes de variância genética dos dois parâmetros estudados, apresentaram pequena assimetria a esquerda em todas as linhagens. Essa assimetria indica uma maior probabilidade das amostras dos componentes de variância genética concentrarem-se mais próximos do limite inferior do intervalo, no entanto, como essa simetria foi relativamente pequena, pode se afirmar que as amostras dos componentes de variância estão distribuídos uniformemente dentro do intervalo de credibilidade.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1) das três linhagens são apresentados na Tabela 3.

TABELA 3. Componentes de (co)variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

TABLE 3. Components of additive genetic variance ($\sigma^2 a$) and residual ($\sigma^2 e$), for the regression constant (b_0) and for the regression coefficient (b_1) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3)

		b_0	b_1
L1	b_0	0,187	
	b_1	0,355	0,514
L2	b_0	0,579	
	b_1	-0,279	0,384
L3	b_0	56,091	
	b_1	-4,008	0,296

Observa-se que na linhagem 3, a variância genética foi maior quando comparada as demais linhagens, tal fato deve-se a inconstância de postura das aves dessa linhagem. Isso indica que nessa linhagem existe uma maior variabilidade genética para os parâmetros b_0 e b_1 .

Na Tabela 4, encontram-se as estimativas de correlações genéticas e fenotípicas e as herdabilidades dos parâmetros da curva de produção das três linhagens.

TABELA 4. Herdabilidade (diagonal), correlação genética (abaixo da diagonal) e correlação fenotípica (acima da diagonal) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3) para a constante de regressão (b_0) e para o coeficiente de regressão (b_1)

TABLE 4. Heritability (diagonal), genetic (below diagonal) and phenotypic correlation (above diagonal) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3) for regression constant (b_0) and regression coefficient (b_1).

		b_0	b_1
L1	b_0	0,031	-0,865
	b_1	0,880	0,091
L2	b_0	0,009	-0,907
	b_1	-0,113	0,763
L3	b_0	0,387	-0,920
	b_1	-0,984	0,443

Correlações Fenotípicas

Observando os valores de correlações fenotípicas apresentados na Tabela 4, nota-se que os dois parâmetros da curva de produção de ovos apresentam alta correlação negativa nas três linhagens, variando de -0,865 a -0,92. Ou seja, uma alta probabilidade

de postura no início da curva de produção de ovos implica em uma menor velocidade no alcance do pico da postura. Pois, quanto maior for o b_1 , maior a probabilidade de postura ao primeiro dia de produção da linhagem e quanto maior o b_1 , maior a velocidade de alcance ao pico da curva de produção. Sendo assim, a seleção para qualquer um dos parâmetros levaria a um prejuízo na expressão do outro.

Correlações genéticas

As estimativas de correlações genéticas são apresentadas na Tabela 4. Analisando os valores das correlações entre o b_0 e o b_1 , observa-se que nas linhagens 2 e 3 os parâmetros apresentam correlação negativa, porém em diferentes magnitudes, sendo altamente negativa para a linhagem 3 e pouco negativa na linhagem 2. Essa correlação negativa indica que se a seleção for praticada com a intenção de aumentar o valor genético de qualquer um dos dois parâmetros, haveria uma diminuição no valor genético do outro parâmetro. O contrário ocorre na linhagem 1, para qual a correlação genética foi positiva. Dessa forma, uma seleção com o intuito de aumentar o valor genético do parâmetro b_1 nessa linhagem, levaria a um ganho genético correlacionado no b_0 , acarretando, então, em uma maior velocidade de alcance ao pico. Contudo poderia causar um prejuízo na produção devido a correlação fenotípica negativa também para essa linhagem.

Herdabilidades

As herdabilidades (h^2) para os parâmetros da curva de produção encontram-se na diagonal da Tabela 4. Observando as h^2 para b_0 denota-se que a influência da genética na expressão dessa característica é baixa, mesmo na linhagem 3, que apresentou o valor de h^2 mais alto dentre as três linhagens (0,387). Esses resultados implicam que um

programa de melhoramento genético baseado nesse parâmetro não obteria resultados satisfatórios, uma vez que a genética exerce pouca influência na expressão dessa característica. Esses resultados são semelhantes aos encontrados por Paiva et al. (2004), que encontrou valores para idade ao primeiro ovo de 0,19; 0,22 e 0,73, quando trabalhou com três linhagens de codornas de postura, embora sendo essa uma característica diferente da estudada no presente trabalho, há uma grande proximidade entre idade ao primeiro ovo e probabilidade de postura no início da curva de produção de ovos.

Para o coeficiente de regressão as h^2 encontradas foram relativamente altas, exceto para a linhagem 1, que apresentou uma herdabilidade de 0,09 (9%). Esses resultados indicam que pode haver melhoria na velocidade em que a ave chega ao pico da postura, caso houver um programa de melhoramento baseado na seleção desse parâmetro nas linhagens 1 e 2.

Conclusões

Conclui-se que pode ser promovido ganho genético nas linhagens 2 e 3, se realizado um programa de melhoramento genético baseado no coeficiente de regressão da curva de produção dessas aves. Contudo deve-se atentar para as correlações genéticas e fenotípicas negativas, pois se houver seleção na direção de um dos parâmetros, haverá diminuição no valor genético e prejuízo na expressão do outro parâmetro. Além disso, estes resultados indicam diferenciação entre as linhagens, o que pode ser explorado em programas de melhoramento genético, através de seleção e cruzamentos.

Literatura Citada

- FIALHO, F.B.; LEDUR, M.C.; AVILA, V.S., **Método Para Comparar Curva De Produção De Ovos Usando um Modelo Matemático**. Comunicado Técnico 293. Embrapa Suínos e Aves, 2001, p. 1–4.
- FALCONER, D.S. **Introdução À Genética Quantitativa**. Trad. Martinho de Almeida e Silve e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N.; et al., **Aplicação De Métodos Reml E Bayesiano Via Amostrador De Gibbs Na Estimação De Componentes De Variância Para Produção De Leite No Estado Do Paraná**. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL (NRC). **Nutrient requirements of poultry**. 9 ed., Washington. D.C.: National Academic Press, 1994. p. 44-45.
- OLIVEIRA, E.G. **Pontos críticos no manejo e nutrição de codornas**. In: Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Aves e Suínos e Tecnologia da Produção de Rações, 2001, Campinas. **Anais...** Campinas: CBNA, 2001, p. 71-96.
- PAIVA, E.; GEORGE, P.C.; CONTI, A.C.M. ET AL. **Parâmetros Genéticos Ee Fenotípicos para Peso aos 28 dias, Idade ao Primeiro Ovo e Peso do Ovo Eem Três Linhagens de Codornas de Postura**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiania: CD- ROM, Melhoramento Genético Animal.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL. <http://www.R-project.org>.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. 1995. **A manual for use of MTGSUM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]**. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.

IV. Interação genótipo x ambiente na curva de probabilidade de postura de três linhagens de codornas de postura

RESUMO: O objetivo desse trabalho foi estimar os componentes de (co)variância genética, bem como investigar a existência da interação genótipo ambiente em três linhagens de codornas de postura, submetidas a dois tipos de alimentação: alta e baixa energia. O controle de postura foi realizado diariamente até o 90º dia a partir da postura do primeiro ovo, sendo realizado o mesmo procedimento para cada linhagem. Os dados de postura foram utilizados para ajustar uma regressão polinomial para cada ave, usando-se o método de Modelos Lineares Generalizados, utilizando o software GLIM 4.0, admitindo-se distribuição binomial e função de ligação logit. Para as análises genéticas os parâmetros das curvas de produção individuais foram considerados como variáveis biológicas e avaliadas por meio de modelos animais multi-características. Foram feitas as estimativas dos componentes de variância genética aditiva e residual, por meio do software MTGSAM. As estimativas de herdabilidade no ambiente 1, para b_0 foram: 0,003; 0,002 e 0,282, e para b_1 : 0,065; 0,034 e 0,379; no ambiente 2, para o b_0 : 0,003; 0,004 e 0,442 e para b_1 0,048; 0,514 e 0,502 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. De forma geral a herdabilidade foi maior no ambiente 2, indicando que um programa de seleção seria mais eficiente se realizada nesse ambiente. As correlações genéticas entre os ambientes para b_0 foram: 0,255; 0,234 e 0,987 e para b_1 0,408; 0,294 e 0,928 para as linhagens 1, 2 e 3, respectivamente. Indicando uma forte interação genótipo ambiente nas linhagens 1 e 2. Na linhagem 3, a seleção pode ser praticada no ambiente de maior energia e a progênie criada no outro ambiente sem que haja prejuízos na expressão das características da curva de probabilidade de postura.

Palavras chaves: curva de produção de ovos, herdabilidade, função de ligação

Genotype and environment interaction in the production curve of three laying quails lines

ABSTRACT: The objective of this work was to estimate genetic (co)variance components as well as to investigate the existence of the genotype and environment interaction, in three lines of laying quails under two feeding types: high and low energy. The posture control was accomplished daily until 90th day starting from the first egg laying in each line. The daily egg production data were used to fit a polynomial regression for each animal, using the method of Linear Models Generalized, using the software GLIM 4.0, and admitting that it is a binomial distribution and logit link function. For the genetic analyses the parameters of the individual production curves were considered as biological traits under a multi-trait animal model. The residual and genetic variance components were estimated using the software MTGSAM. The performance in different environments was considered as different traits. The heritability estimative for b_0 in the environment 1, for lines 1, 2 and 3 were, respectively: 0.003, 0.002 and 0.282, and for b_1 : 0.065, 0.034 and 0.379; for b_0 in the environment 2: 0.003, 0.004 and 0.442 and for b_1 0.048, 0.514 and 0.502. In a general way the heritability was higher in the environment 2, indicating that a selection program would be more efficient if performed in this environment. The genetic correlations between the environments for b_0 were: 0.255, 0.234 and 0.987 and for b_1 0.408, 0.294 and 0.928 for lines 1, 2 and 3, respectively. These results indicated a genotype x environment interaction in lines 1 and 2. In line 3 the selection can be practiced in the environment of higher energy and the progenies reared in other environment, without damages in the expression of the eggs production curve.

Key words: body: eggs production curve, heritability, link function.

Introdução

Em pesquisas com aves de postura, é comum a necessidade de testar o efeito de diferentes tratamentos (dietas, manejo, genótipos, etc.) na produção de ovos. O total de ovos produzidos fornece pouca informação a respeito da curva de produção. Para aumentar a qualidade dessa informação, às vezes é necessário decompor a produção total na produção em vários períodos. Entretanto, isso apresenta alguns inconvenientes. Apesar de se ter mais informação, a interpretação das produções parciais nem sempre é clara, dificultando a comparação entre curvas (Fialho, et al, 2001). Assim, a linearização da produção diária de cada ave, através de uma função de ligação, que fornece parâmetros de fácil interpretação biológica pode ser uma solução.

Existe uma interação genótipo x ambiente quando as diferenças entre genótipos dependem do ambiente em que estes estão sendo expressos, desta forma, pode haver alteração do valor dos genótipos em diferentes ambientes. Falconer (1987) descreve a interação como um fenômeno em que ambientes diferentes afetam de formas desiguais vários genótipos.

O termo genótipo pode referir-se a diferentes linhagens, enquanto que manejo, nutrição, localidade e alojamento podem ser considerados como ambientes.

Com o avanço do melhoramento genético existe a tendência de que esse efeito de interação seja cada vez mais considerado, buscando uma seleção direcionada e relacionada de determinado genótipo com determinado ambiente. Comumente um animal é selecionado em um ambiente e sua prole criada em outro ambiente, e dessa forma, a resposta a seleção pode não ser a esperada. A predição dessa resposta a seleção seria mais eficiente se o melhorista considerasse a correlação entre a variância genética entre os dois ambientes. Este fato denota a importância da investigação da existência de interação genótipo ambiente.

A interação genótipo x ambiente pode ser avaliada pela inclusão da interação genótipo x ambiente no modelo quantitativo ou considerando a performance de genótipos em diferentes ambientes como diferentes características e estimando a correlação genética entre essas características. Uma alta correlação indica que as características são controladas pelo mesmo conjunto de genes e uma baixa correlação indica que as características são controladas por um conjunto diferente de genes (Corrêa, et al, 2006).

Assim, objetivo deste trabalho foi avaliar a existência da interação genótipo x ambiente em três linhagens de codornas de postura.

Material e Métodos

Este trabalho foi desenvolvido no setor de coturnicultura da Fazenda Experimental de Iguatemi, da Universidade Estadual de Maringá, no período de agosto de 2006 a janeiro de 2007.

Foram utilizadas três linhagens de codornas de postura, denominadas de linhagens 1, 2 e 3, pertencentes ao programa de desenvolvimento de linhagens de codornas de postura da Universidade Estadual de Maringá

O plantel de reprodução foi constituído de 200 fêmeas e 100 machos em cada linhagem. As aves foram alojadas em gaiolas individuais, com dimensões de 0,11 x 0,20 x 0,16 m (largura x profundidade x altura), localizadas no galpão de coturnicultura, que possui 6,50m de largura x 33,0m de comprimento, com cobertura de telha de barro, piso concretado e paredes laterais de 0,30m de altura e o restante com tela de arame até o telhado, provida de cortinas laterais. Os bebedouros serão do tipo *nipple*, e o comedouro do tipo calha, disposto na frente das gaiolas. A ração era fornecida à vontade e o programa de iluminação utilizado era iluminação natural + artificial, totalizando 17 horas por dia.

As fêmeas receberam ração de postura, formulada conforme recomendações do NRC (1994).

Foram coletados ovos em dois períodos de sete dias e incubados. Após 15 dias na incubadora, os ovos foram transferidos para a câmara de eclosão. Os ovos eram colocados em bandejas com divisão interna, de maneira que os ovos de uma mesma fêmea ocupassem um único compartimento. Isto permitia o anilhamento dos pintainhos ao nascimento com anotação da genealogia. Os pintainhos foram criados até aos 28 dias de idade em piso com cama de cepilho de madeira, recebendo ração de crescimento conforme recomendações do NRC (1994)

Após esse período as aves foram separadas por sexo, alojando-se as fêmeas em gaiolas como descritas para as matrizes da população base. Utilizaram-se 302, 337 e 371 codornas, da linhagem 1, 2 e 3, respectivamente, resultando em dados de 459 animais da linhagem 1, 572 da linhagem 2 e 568 da linhagem 3 na matriz de parentesco.

As fêmeas foram divididas em dois grupos, de tal forma que cada matriz teve filhas nos dois grupos. Cada grupo passou a ser alimentado com um dos tipos de ração, cujas composições são apresentadas nas Tabelas 1 e 2. Assim formou-se dois ambientes distintos, em um os animais eram submetidos a uma alimentação com baixa energia (Ambiente 1 – 2.900 Mcal/kg) e no outro ambiente as aves recebiam alimentação com um maior nível de energia (Ambiente 2 – 2.500 Mcal/kg).

TABELA 1 - Composição química e energética das rações experimentais
 TABLE1. Chemical and energy composition of experimental rations.

Item	Ração 1	Ração 2
Cálcio (%)	2,5	2,5
Energia metabolizável Mcal/kg	2.900	2.500
Fibra bruta (%)	3,277	3,775
Fósforo disponível (%)	0,36	0,36
Lisina total (%)	1,213	1,213
Metionina + Cistina total (%)	0,753	0,753
Proteína bruta	22,00	22,00
Sódio	0,18	0,18

TABELA 2 - Composição percentual das rações experimentais
 TABLE 21. *Percentual composition of experimental rations.*

Alimento	Ração 1	Ração 2
Milho grão	48,855	50,830
Soja farelo	36,159	38,620
Trigo farelo	7,601	0,0
Calcário	5,342	5,290
Óleo de soja	0,00	3,16
Fosfato bicálcico	1,24	1,33
Sal comum	0,347	0,350
Vitpos-ave	0,252	0,252
DL-Metionina	0,073	0,075
Min-aves	0,068	0,068
L-Lisina HCl	0,048	0,0160
BHT	0,01	0,01

O controle de postura foi realizado diariamente até o 90º dia a partir da postura do primeiro ovo, sendo realizado o mesmo procedimento para cada linhagem.

Os dados de postura foram utilizados para ajustar uma regressão polinomial para cada ave, usando-se o método de Modelos Lineares Generalizados, usando o software GLIM 4.0, admitindo-se distribuição binomial (1 para presença do ovo e 0 para ausência do ovo no dia) e função de ligação logit, na forma:

$$\hat{y} = \frac{\exp\{b_0 + (b_1 \cdot dia)\}}{1 + [\exp\{b_0 + (b_1 \cdot dia)\}]}$$

Em que:

\hat{y} é a probabilidade de postura no dia i ;

b_0 é a constante de regressão e refere-se ao início da postura;

b_1 é o coeficiente de regressão linear e refere-se a velocidade que se alcança o pico da postura;

dia é o número de dias a partir do primeiro ovo na linhagem.

Para as análises genéticas os parâmetros das curvas de produção individuais foram considerados como variáveis biológicas subjacentes e avaliadas por meio de modelos animais multi-características. A fim de se avaliar a existência da interação genótipo ambiente, cada parâmetro em um ambiente foi considerado como uma nova característica no outro ambiente, totalizando então, quatro características na análise. Foram feitas as estimações dos componentes de variância genética aditiva e residual, por meio do software MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler in Animal Model) (Van Tassel e Van Vleck, 1995), que permite a inferência Bayesiana acerca dos componentes de variância, empregando-se o modelo animal multi-características.

O modelo utilizado para a estimação dos componentes de variância foi como segue

$$y = X\beta + Za + e$$

equivalente ao modelo:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \\ \alpha_3 \\ \alpha_4 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1 a y_4 , são vetores de observações para as constantes de regressão e coeficiente linear da curva de produção em cada um dos ambientes;

X_1 a X_4 são as matrizes de incidência dos efeitos fixos de rações contidos nos vetores β ;

Z_1 , a Z_4 são as matrizes de incidência dos valores genéticos contidos no vetor a ;

a_1 , a a_4 , são os vetores dos efeitos genéticos diretos associados ao vetor y ;

e_1 , a e_4 , são os vetores de erros aleatórios associados ao vetor y .

Foi admitida a seguinte distribuição conjunta para y , a e e .

$$\begin{bmatrix} \mathbf{Y} \\ \mathbf{a} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} \mathbf{V} & \mathbf{ZG} & \mathbf{R} \\ \mathbf{GZ}' & \mathbf{G} & \boldsymbol{\phi} \\ \mathbf{R} & \boldsymbol{\phi} & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

\mathbf{V} é a matriz de variância e covariância das observações dada por $\mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R}$;

\mathbf{G} é a matriz de variância e covariância genética aditiva dada por, $\mathbf{G} = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}$ sendo

\mathbf{A} é a matriz de coeficientes de parentescos, \otimes é o produto de Kronecker, e \mathbf{G}_0 a matriz de variância e covariância genética aditiva, dada a seguir:

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_1a_3} & \sigma_{a_1a_4} \\ \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2a_3} & \sigma_{a_2a_4} \\ \sigma_{a_1a_3} & \sigma_{a_2a_3} & \sigma_{a_3}^2 & \sigma_{a_3a_4} \\ \sigma_{a_1a_4} & \sigma_{a_2a_4} & \sigma_{a_3a_4} & \sigma_{a_4}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

$\sigma_{a_x}^2$ são as variâncias genéticas aditivas, onde x representa a constante de regressão, no ambiente 1 (b_{01}) ou no ambiente 2 (b_{02}), ou o coeficiente de regressão linear, no ambiente 1 (b_{11}) ou no ambiente 2 (b_{12});

$\sigma_{a_{xy}}$ são as covariâncias genéticas entre os parâmetros das curvas de produção ajustadas dentro e/ou entre ambientes;

\mathbf{R} é a matriz de variância e covariância residual dada por $\mathbf{R} = \bigoplus_{i=1}^2 \mathbf{R}_{0i} \otimes \mathbf{I}_i$, sendo \mathbf{I}_i a matriz identidade e \mathbf{R}_{0i} a matriz de variância e covariância residual referentes ao ambiente i , dada a seguir:

$$\mathbf{R}_{0i} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_{1i}}^2 & \sigma_{e_{1i}e_{2i}} \\ \sigma_{e_{1i}e_{2i}} & \sigma_{e_{2i}}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

$\sigma_{e_x}^2$ são as variâncias residuais, onde x representa a constante de regressão e o coeficiente de regressão linear;

σ_{e,x,e_y} são as covariâncias residuais, onde x e y representam a constante de regressão e o coeficiente de regressão linear;

Foram geradas duas matrizes de (co)variâncias residuais, uma para cada ambiente, pois não existe correlação residual entre os dois ambientes.

Admitiu-se que, para os efeitos fixos não existe nenhum conhecimento inicial, tendo uma distribuição inicial uniforme, que a distribuição dos efeitos aleatórios é normal multivariada e que a distribuição dos resíduos é normal multivariada. Para valores genéticos, considerou-se a estrutura de covariância conhecida dada pela matriz de parentesco. Para os componentes de variância considera-se como distribuição a de Wishart Invertida (*IW*).

Para a estimação Bayesiana, pelo conjunto de programas MTGSAM, para a linhagem 3 foi gerada uma cadeia de Gibbs de 2.600.000 ciclos, e para as linhagens 1 e 2 foram geradas cadeias de 5.100.000 ciclos. As amostras foram retiradas a cada 1.000 ciclos, após a eliminação de 100.000 ciclos iniciais, sendo obtidas 2.500 amostras dos componentes de (co)variância, para linhagem 3 e 5.000 amostras dos componentes para as linhagens 2 e 3, o que permitiu o estabelecimento dos intervalos de credibilidade, ao nível de 90% e a região de alta densidade.

A convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs para cada um dos grupos analisados foi monitorada por meio do teste de diagnóstico Heidelberger e Welch disponíveis no pacote CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) do programa R (2004).

Usando as amostras dos componentes de variância, foram obtidas estimativas para as herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas entre os parâmetros e entre os ambientes.

Resultados e Discussão

A postura passou a ser acompanhada após o primeiro ovo de cada linhagem, sendo que para a linhagem 1, isso ocorreu aos 31 dias e para as linhagens 2 e 3 aos 41 dias de idade. Na Tabela 3, são apresentados os valores médios para os parâmetros da curva de produção de ovos das três linhagens de codornas de postura nos dois ambientes a que foram submetidas, de acordo com a metodologia dos modelos lineares generalizados e função de ligação logit. . Utilizando-se dessas médias foi possível gerar uma curva de probabilidade de postura para cada linhagem dentro de cada ambiente..

TABELA 3. Média da constante de regressão (b_0) e do coeficiente de regressão (b_1) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3) no ambiente 1 e no ambiente 2 e seus respectivos desvios padrão. .

TABLE 3. Average of the regression constant (b_0) and of the regression coefficient (b_1) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3) in environment 1 and environment 2 and their respective standard errors.

	Ambiente 1		Ambiente 2	
	b_0	b_1	b_0	b_1
L1	-2,84 ± 7,88	0,33 ± 1,06	-2,27 ± 7,67	0,30 ± 7,67
L2	-4,44 ± 9,42	0,41 ± 0,81	-2,52 ± 6,25	0,18 ± 0,52
L3	-3,72 ± 10,49	0,32 ± 0,76	-6,46 ± 13,49	0,41 ± 0,87

Ao confrontar a média de cada parâmetro nos diferentes ambientes observa-se que as linhagens 1 e 2 apresentaram uma maior probabilidade de postura no início da curva de produção (b_0) no ambiente 2. Porém foi no ambiente 2, que essas mesmas linhagens apresentaram médias pouco maiores para a velocidade de alcance ao pico (b_1). Esse fato pode ser devido a uma possível dificuldade de adaptação na mudança da dieta, já que até aos 28 dias, as aves recebiam ração de crescimento e após esse período passaram a receber as rações experimentais, que no ambiente 1 é caracterizada por uma ração de alta energia. Esta ração de alto conteúdo energético pode ter levado a uma diminuição inicial no consumo, mas ao adaptarem-se a nova dieta expressaram seu potencial para a produção de ovos. O contrário foi observado na linhagem 3, provavelmente essa

linhagem adaptou-se mais rapidamente a nova dieta. Essas diferenças são evidenciadas nas curvas de probabilidade de postura, apresentadas nas Figuras 1, 2 e 3, para as linhagens 1,2 e 3 respectivamente.

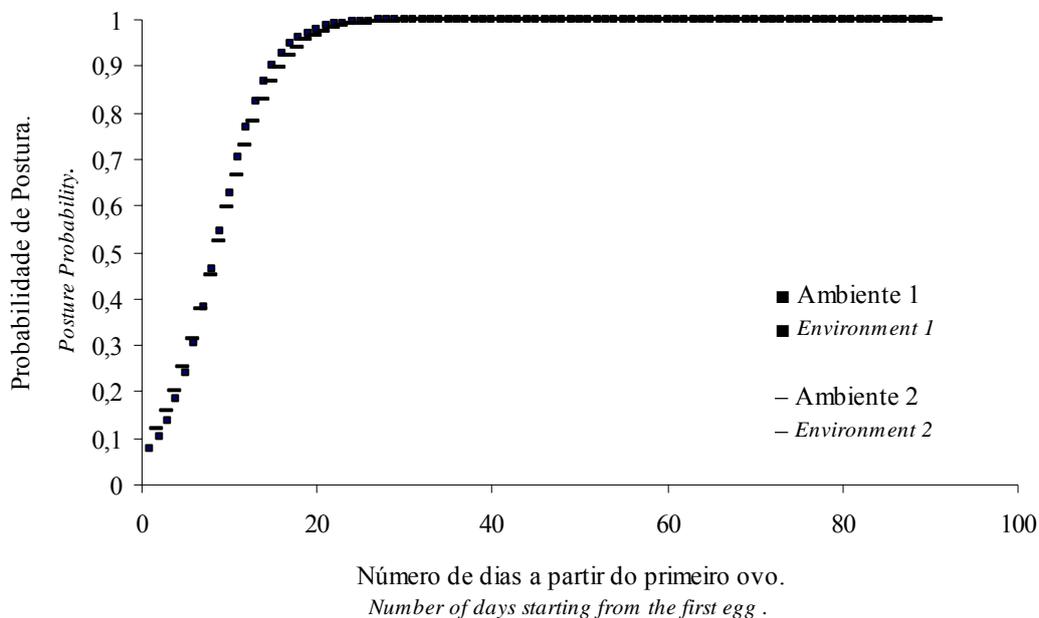


FIGURA 1. Curva de probabilidade de postura da linhagem 1 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).

FIGURE 1. Posture probability curve of line 1 in environment 1 (high energy) and environment 2 (low energy).

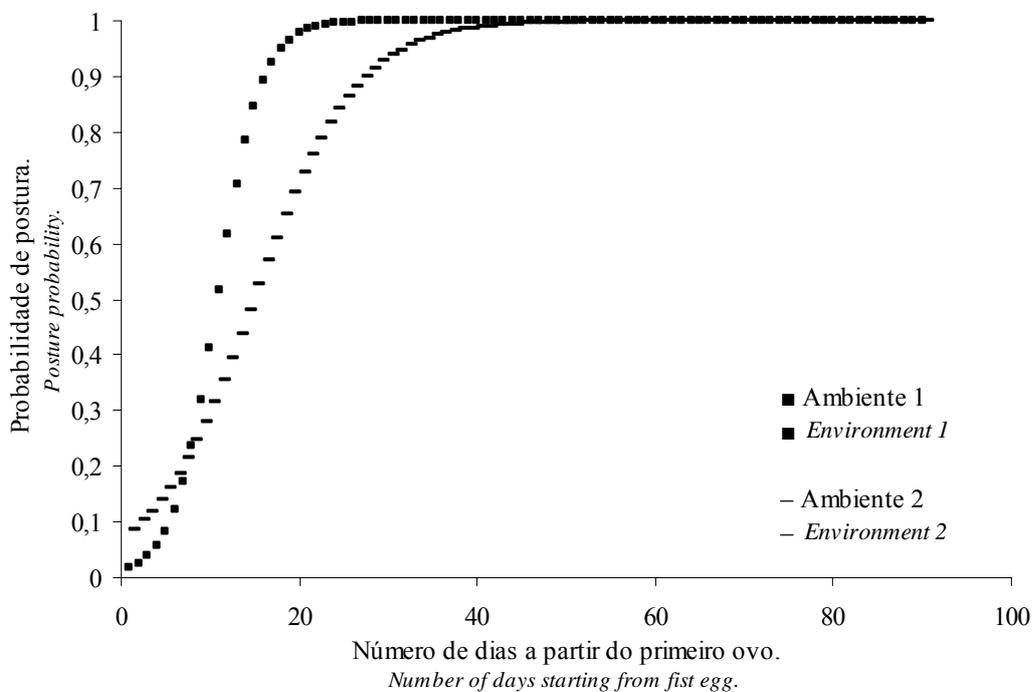


FIGURA 2. Curva de probabilidade de postura da linhagem 2 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).

FIGURE 2. Posture probability curve of line 1 in environment 1 (high energy) and environment 2 (low energy).

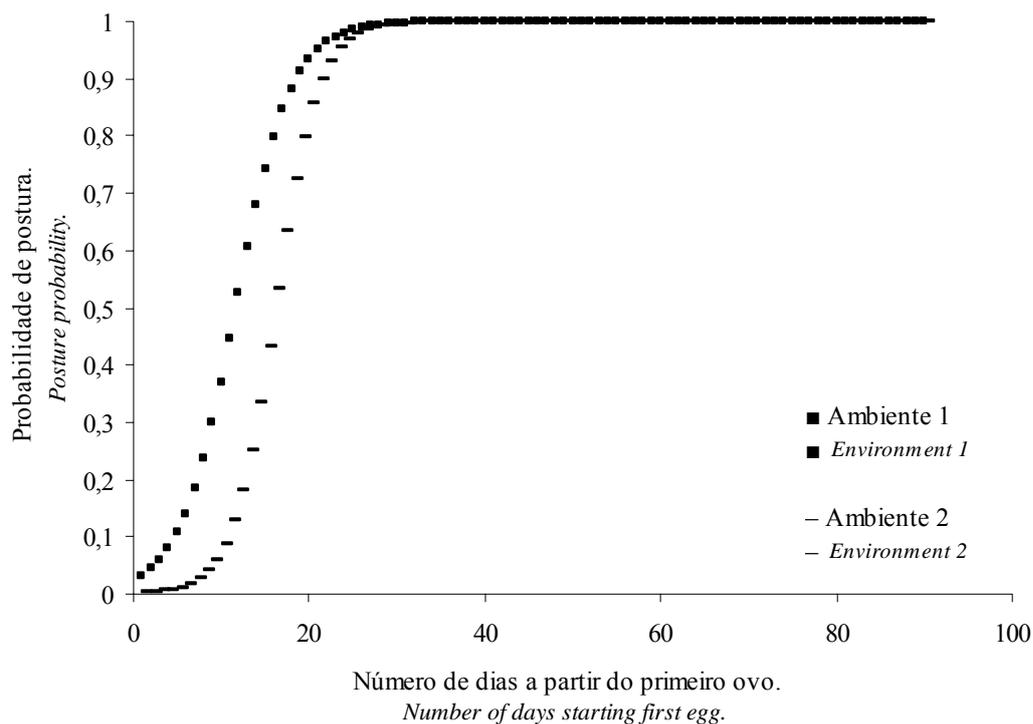


FIGURA 3. Curva de probabilidade de postura da linhagem 3 no ambiente 1 (alta energia) e no ambiente 2 (baixa energia).

FIGURE 3. Posture probability curve of line 3 in environment 1 (high energy) and environment 2 (low energy).

Variâncias e covariâncias

Na Tabela 4, estão apresentados o Intervalo de credibilidade e região de alta densidade em nível de 90%, para componentes de variância genética aditiva (σ^2_a) e residual (σ^2_e), para a constante de regressão (b_{01} e b_{02}) e para o coeficiente de regressão (b_{11} e b_{12}) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

De forma geral, as amostras dos componentes de (co)variância genética nos dois ambientes mostraram estar distribuídos uniformemente dentro do intervalo de credibilidade. Existe com uma leve tendência assimétrica à esquerda, que indicaria que as amostras dos componentes de variância tendem a se concentrar na parte inferior do intervalo, contudo essa assimetria foi leve, portanto, as amostras estão bem distribuídas no intervalo de credibilidade.

TABELA 4. Intervalo de credibilidade (IC) em nível de 90% e região de alta densidade (RAD), para componentes de variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) da constante de regressão nos ambientes 1 e 2 (b_{01} e b_{02}) e do coeficiente de regressão nos ambientes 1 e 2 (b_{11} e b_{12}) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

TABLE 4. Credibility interval (IC) in level of 90% and area of high density (RAD) for components of additive genetic variance ($\sigma^2 a$) for the regression constant (b_{01} and b_{02}) and for the regression coefficient in environment 1 and 2 (b_{11} and b_{12}) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3)

		Intervalo de Credibilidade	Região de Alta Densidade
L1	b_{01}	0,03 - 0,46	0,01 - 0,46
	b_{11}	0,01 - 0,08	0,01 - 0,08
	b_{02}	0,03 - 0,49	0,01 - 0,49
	b_{12}	0,01 - 0,06	0,01 - 0,06
L2	b_{01}	0,03 - 0,44	0,02 - 0,44
	b_{11}	0,01 - 0,05	0,01 - 0,05
	b_{02}	0,03 - 0,50	0,03 - 0,50
	b_{12}	0,01 - 0,03	0,01 - 0,03
L3	b_{01}	3,02 - 62,97	0,12 - 63,07
	b_{11}	0,05 - 0,41	0,01 - 0,41
	b_{02}	6,02 - 148,20	0,01 - 148,20
	b_{12}	0,06 - 0,68	0,01 - 0,68

As variâncias e covariâncias genéticas dos parâmetros da curva de probabilidade de postura das três linhagens são apresentadas na Tabela 5.

TABELA 5 Componentes de (co)variância genética aditiva ($\sigma^2 a$) para a constante de regressão no ambiente 1 e 2 (b_{01} e b_{02}) e para o coeficiente de regressão no ambiente 1 e 2 (b_{11} e b_{12}) da linhagem 1 (L1), da linhagem 2 (L2) e da linhagem 3 (L3).

TABLE 5. Components of additive genetic (co)variance ($\sigma^2 a$), for the regression constant in environment 1 and 2 (b_{01} e b_{02}) and for the regression coefficient in environment 1 and 2 (b_{11} e b_{12}) of line 1 (L1), line 2 (L2) and line 3 (L3).

		b_{01}	b_{11}	b_{02}	b_{12}
L1	b_{01}	0,156			
	b_{11}	0,016	0,039		
	b_{02}	0,044	0,021	0,169	
	b_{12}	0,014	0,013	0,007	0,024
L2	b_{01}	0,152			
	b_{11}	0,003	0,024		
	b_{02}	0,041	0,015	0,17	
	b_{12}	0,005	0,005	-0,003	0,014
L3	b_{01}	31,486			
	b_{11}	-2,571	0,225		
	b_{02}	49,062	-4,049	81,406	
	b_{12}	-3,275	0,273	-5,432	0,385

Na linhagem 3, as variâncias genéticas dos dois parâmetros da curva de probabilidade de postura foram consideravelmente mais altas que para as demais linhagens nos dois ambientes, indicando que existe uma maior variabilidade genética para essas características (probabilidade de postura no início da produção de ovos e velocidade de alcance ao pico de postura) nessa linhagem.

Nas linhagens 1 e 2, as variâncias dos parâmetros nos dois ambientes foram muito semelhantes, já na linhagem 3, a variância genética para a constante de regressão foi muito maior no ambiente 2, podendo indicar que no ambiente 2, as aves dessa linhagem expressam de forma mais significativa suas diferenças genéticas.

Na Tabela 6, são apresentadas as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas e fenotípicas dos parâmetros da curva de probabilidade de postura das 3 linhagens.

TABELA 6 Herdabilidade (diagonal), correlação genética (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) da linhagem 1 (L1), da 2 (L2) e da 3 (L3) para a constante de regressão (b_{01} e b_{02}) e coeficiente de regressão (b_{11} e b_{12}) nos ambientes 1 e 2.

TABLE 6. Heritability (diagonal), genetic (below diagonal) and phenotypic correlation (above diagonal) of line 1 (L1), 2 (L2) and 3 (L3) for regression constant (b_{01} , b_{02}) and regression coefficient (b_{01} , b_{02}) in environment 1 and 2.

		b_{01}	b_{11}	b_{02}	b_{12}
L1	b_{01}	0,003	-0,883	0,001	0,003
	b_{11}	0,231	0,065	0,003	0,023
	b_{02}	0,255	0,258	0,003	-0,854
	b_{12}	0,236	0,408	0,141	0,048
L2	b_{01}	0,002	-0,914	0,001	0,001
	b_{11}	0,896	0,034	0,029	0,012
	b_{02}	0,234	0,239	0,004	-0,913
	b_{12}	0,145	0,294	0,023	0,514
L3	b_{01}	0,282	-0,911	0,343	-0,355
	b_{11}	-0,943	0,379	-0,389	0,407
	b_{02}	0,987	-0,941	0,442	-0,928
	b_{12}	-0,936	0,920	-0,943	0,502

Correlações Fenotípicas

As estimativas das correlações fenotípicas encontram-se na Tabela 6. Quando se analisa a correlação entre os dois parâmetros dentro de um mesmo ambiente ($b_{01} \times b_{11}$ e $b_{02} \times b_{12}$) encontra-se valores altos e negativos para as três linhagens (-0,854 a -0,928), o que significa que a seleção em direção de um dos parâmetros causaria um prejuízo na expressão do outro, caso a progênie seja criada no mesmo ambiente. Isso porque a seleção em direção de aumento do b_1 (aumento da velocidade de alcance ao pico de produção) levaria a uma diminuição na probabilidade de postura no início da curva de produção da linhagem.

A correlação entre a probabilidade inicial de postura e a velocidade de alcance ao pico em ambientes diferentes ($b_{01} \times b_{12}$ e $b_{11} \times b_{02}$) é pequena e positiva nas linhagens 1 e 2. Porém na linhagem 3, a correlação fenotípica é negativa e maior, -0,355 e -0,389, respectivamente para $b_{01} \times b_{12}$ e $b_{11} \times b_{02}$. Isto demonstra que na linhagem 3, se a seleção for praticada em uma das características e a progênie criada no outro ambiente, haveria um decréscimo na expressão do outro parâmetro, o que não ocorreria nas demais linhagens, pois a correlação fenotípica foi positiva.

A correlação entre o mesmo parâmetro em ambientes diferentes ($b_{01} \times b_{02}$ e $b_{11} \times b_{12}$), foi baixa nas três linhagens, sendo um pouco maior para a linhagem 3. Indicando que a expressão dos parâmetros da curva de probabilidade de postura acontece de forma diferenciada nos ambientes.

Correlações genéticas

Observando a Tabela 6, onde se encontram, abaixo da diagonal, os valores das correlações genéticas entre os parâmetros da curva de produção, nota-se que as correlações genéticas entre os parâmetros no mesmo ambiente ($b_{01} \times b_{11}$ e $b_{02} \times b_{12}$), foram altas e negativas na linhagem 3, acompanhando os resultados da correlação

fenotípica. Nas linhagens 1 e 2, as correlações foram baixas (0,023 a 0,23), exceto para a correlação no ambiente 1 da linhagem 2, cuja correlação foi de 0,896. Apenas nessa linhagem uma seleção para um dos dois parâmetros levaria a um ganho genético no outro parâmetro, isso em apenas um dos ambientes, denotando uma interação genótipo ambiente nessa correlação entre b_0 e b_1 para essa linhagem. Contudo, esse ganho genético não afetaria a produção, pois a correlação fenotípica foi alta e negativa.

Entre os parâmetros nos diferentes ambientes (b_{01} x b_{12} e b_{11} x b_{02}) a correlação genética é baixa, variando de 0,145 a 0,258 nas linhagens 1 e 2. Já para a linhagem 3 as correlações são altas e negativas, mostrando que nessa linhagem a seleção na direção de um parâmetro levaria a uma diminuição no valor genético do outro, quando os animais selecionados forem criados em outro ambiente, caracterizando assim, existência de interação genótipo x ambiente, uma vez que isso só ocorre para essa linhagem.

Observa-se também alta correlação genética entre a mesma característica nos dois ambientes para a linhagem 3. O que implica que aves selecionadas num ambiente e criadas em outro apresentariam ganhos genéticos semelhantes. Já nas linhagens 1 e 2, as correlações foram baixas, variando de 0,234 a 0,294, com exceção do parâmetro b_1 da linhagem 2, que obteve estimativa de correlação entre os dois ambientes de 0,408. Mesmo com essa correlação pouco mais alta, pode-se afirmar que existe interação genótipo x ambiente nessas linhagens. Estes resultados também foram obtidos por Fiorito (2006), trabalhando com interação x genótipo ambiente em codornas de postura.

Herdabilidades

As herdabilidades dos parâmetros nos diferentes ambientes encontram-se na diagonal da Tabela 6. Comparando se a herdabilidade nos dois ambientes pode-se notar mais claramente a interação genótipo x ambiente.

Nas três linhagens, as herdabilidades para os dois parâmetros praticamente dobraram de valor no ambiente 2, com exceção do b_{01} na linhagem 1, cuja herdabilidade manteve-se igual nos dois ambientes. Esses resultados indicam que uma seleção feita no ambiente 2 seria mais eficiente.

Esses resultados são corroborados pelos descritos por Fiorito (2006) que trabalhou com curva de probabilidade de postura de linhagens de codornas criadas em ambientes de alta e baixa energia. O referido autor encontrou valores que variaram para b_0 de 0,06 a 0,26 e para b_1 : 0,01 a 0,25; no ambiente de baixa energia; de 0,01 a 0,08 para b_0 e de 0,22 a 0,26 para o b_1 no ambiente alta energia. Nota-se também que as herdabilidades para o coeficiente de regressão foram maiores que para a constante de regressão, o que também foi verificado no presente trabalho.

Conclusões

Os resultados obtidos no presente trabalho indicam que há uma interação genótipo x ambiente para os parâmetros da curva de probabilidade de postura nas três linhagens estudadas.

Nas linhagens 1 e 2, se a seleção for praticada em um ambiente e a prole criada em outro, os ganhos genéticos esperados no parâmetro selecionado não serão os mesmos e haveria um ganho genético correlacionado no outro parâmetro. Já para a linhagem 3, o ganho genético na característica selecionada seria o esperado, contudo haveria uma diminuição no valor genético do outro parâmetro.

Nas três linhagens estudadas, a seleção seria mais eficiente se praticada na direção da característica velocidade de alcance ao pico de postura (b_1), dentro do ambiente de baixa energia (ambiente 2).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

De acordo com os dados obtidos no presente estudo, verifica-se, de forma geral, uma correlação genética e fenotípica negativa entre os parâmetros, portanto para que se obtenha resultados satisfatórios em um programa de melhoramento é necessário ponderar a importância econômica dos dois parâmetros da curva de probabilidade de postura.

Os resultados indicam que existe uma considerável interação genótipo ambiente nas linhagens estudadas. Nas linhagens 1 e 2, para que se obtenha o ganho genético esperado na progênie é necessário que estes sejam criados com a mesma alimentação dos pais. Já na linhagem 3, não ocorre essa interação, ou seja, mesmo que os pais sejam selecionados recebendo alimentação de alta energia, o ganho genético será obtido da mesma forma, caso a progênie seja criada recebendo uma dieta com menor nível de energia.

Em todas as linhagens um programa de melhoramento genético baseado no coeficiente de regressão seria mais eficiente, pois a herdabilidade para esse parâmetro é alta.

Literatura Citada

- CORRÊA, G.S.S., SILVA, M.A., DIONELLO, N.J.L et al.. **Genotype By Environment Interaction For Production Traits Of Meat Type Quail During The Growing Phase.** In: 8th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. **Anais...** CD-ROM
- FALCONER, D.S. **Introdução À Genética Quantitativa.** Trad. Martinho de Almeida e Silve e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N.; et al., **Aplicação De Métodos Reml E Bayesiano Via Amostrador De Gibbs Na Estimção De Componentes De Variância Para Produção De Leite No Estado Do Paraná.** In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga.
- FIALHO, F.B.; LEDUR, M.C.; AVILA, V.S., **Método Para Comparar Curva De Produção De Ovos Usando um Modelo Matemático.** Comunicado Técnico 293. Embrapa Suínos e Aves, 2001, p. 1-4.
- FIORITO, C. **Interação Genótipo x Ambiente na Produção de Ovos de Codornas de postura.** Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2006. Monografia (Graduação em Zootecnia). p 14. Melhoramento Genético Animal.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL (NRC). **Nutrient requirements of poultry.** 9 ed., Washington. D.C.: National Academic Press, 1994. p. 44-45.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM (2004). **R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing,** Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL. <http://www.R-project.org>.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. 1995. **A manual for use of MTGSUM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT].** U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.