

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

**Modelos não lineares para descrever a curva de crescimento de diferentes grupos genéticos de codornas de corte**

Lúcio Flávio Macedo Mota<sup>1</sup>, Luiza Rodrigues Alves Abreu<sup>1</sup>, Diego Coimbra Alcantara<sup>2</sup>, Cristina Moreira Bonafé<sup>3</sup>, Martinho de Almeida e Silva<sup>4</sup>, Karine Aparecida Rodrigues de Souza<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina. Bolsista da Capes. e-mail: [flaviommota.zoo@gmail.com](mailto:flaviommota.zoo@gmail.com)

<sup>2</sup>Graduação em Zootecnia – UFVJM, Diamantina.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia – UFVJM, Diamantina.

<sup>4</sup>Pesquisador Visitante Nacional Sênior - Capes

**Resumo:** Objetivou-se comparar o padrão de crescimento de diferentes grupos genéticos de codornas de corte ajustando-se curvas de crescimento por meio de modelos não lineares. Foram utilizadas 480 codornas de um dia, machos e fêmeas, provenientes de três genótipos de codornas de corte (UFV3, EV2 e LF, distribuídos em delineamento inteiramente ao acaso sendo as codornas pesadas a cada 7 dias, do nascimento aos 35 dias de idade. Foram ajustados os s modelos não-lineares Gompertz, Logístico, von Bertalanffy e Richards. Os critérios utilizados para escolha do modelo de melhor ajuste da curva de crescimento foram o coeficiente de determinação ajustado, o quadrado médio do erro, o valor do critério de Akaike, o valor do critério de informação Bayesiano, o desvio padrão assintótico, o desvio médio absoluto e o índice assintótico. Todos os modelos não-lineares testados convergiram para os genótipos em estudo. Os parâmetros da curva de crescimento estimados pelos modelos indicaram maior precocidade do genótipo EV2 em comparação aos demais. O modelo Richards apresentou superestimação do ponto de inflexão para todos os genótipos. Os modelos Gompertz, Logístico e von Bertalanffy são recomendados para descrever o crescimento de codornas de corte dos grupos genéticos em estudo

**Palavras-chave:** curva de crescimento, genótipos, peso corporal

**Nonlinear models to describe the growth curve of different genetic groups of meat type quails**

**Abstract:** This work aimed to compare growth patterns of different genetic groups of meat type quails using nonlinear models. A total of 480 of both sex from three genotypes (UFV3, EV2 and LF1) were randomly allotted at hatch in a completely randomized experimental design. The quails were weekly weighed from hatch to 35 days of age. Gompertz, Logistic, von Bertalanffy and Richards's models were fitted to each of the genetic group data. The criteria used to select the best model were: adjusted coefficient of determination, error mean square, the Akaike criterion value, the Bayesian information criterion value, the asymptotic standard deviation, the mean absolute deviation and the asymptotic index. All the nonlinear models converged for the studied genetic group and the estimated parameters of the growth curve suggested higher precocity of the EV2 genetic group in comparison to others. Richards's model overestimated the inflection point. The Gompertz, Logistic and von Bertalanffy are recommended to describe the growth patterns of the studied quail genetic groups.

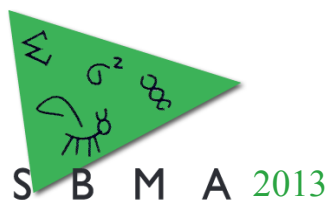
**Keywords:** body weight, genotype, growth curve

**Introdução**

O crescimento corporal é determinado por fatores genéticos e condições ambientes. A combinação destes com as condições de manejo e fatores intrínsecos, como o sexo, a idade, e o estado fisiológico determinam a expressão fenotípica do crescimento. Embora o crescimento seja variável em todos os indivíduos, este segue um padrão bem definido em todas as populações de animais com relação à idade (Arango & Vleck, 2002).

A utilização dos modelos não lineares possibilita a interpretação biológica do crescimento animal por intermédio de poucos parâmetros, como o peso assintótico (parâmetro A) e a taxa de maturidade (parâmetro k).

Assim, estimativas dos componentes genéticos dos parâmetros das curvas de crescimento possibilitam a identificação de animais mais apropriados aos objetivos de seleção em um programa de melhoramento genético.



Objetivou-se com o presente estudo ajustar modelos não lineares para descrever o crescimento corporal de codornas de corte de diferentes grupos genéticos.

### Material e Métodos

O presente estudo foi realizado nas instalações do Programa de Melhoramento Genético de Codornas da UFVJM, Diamantina – MG, no período de março a maio de 2013. Foram utilizadas 480 codornas de um dia, de ambos os sexos, provenientes de três genótipos de codornas de corte (EV2, UFV3, LF1). Foram utilizadas duas dietas, uma do nascimento aos 21 dias de idade, com 25%PB e 2900 kcal EM/kg da dieta e outra para o período de 22 a 35 dias de idade com 22%PB e 3050 kcal EM/kg da dieta, formuladas a base de milho e farelo de soja de acordo com. Rostagno et al. (2013).

As codornas foram alojadas em boxes de dimensões 2,00 x 2,00m, sendo 120 aves por box, em galpão de alvenaria, coberto por telhas de fibrocimento. O peso corporal individual dos três genótipos de codornas foi registrado ao nascer, aos 7, 14, 21, 28 e aos 35 dias de idade.

Os modelos não lineares Richards, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy, citados por Silveira et al. (2011), foram ajustados aos dados. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o PROC NLIN do SAS (Statistical Analysis System, versão 9.0.), via método dos quadrados mínimos ordinários com o algoritmo de Gauss-Newton. Os critérios utilizados para escolha do modelo de melhor ajuste da curva de crescimento foram o coeficiente de determinação ajustado ( $R^2_{aj}$ ), o quadrado médio do erro (QME), o valor do critério de Akaike (AIC) e o valor do critério de informação Bayesiano (BIC), conforme proposto por Silveira et al. (2011), além do desvio padrão assintótico (DPA), calculado a partir da raiz quadrada do quadrado médio do resíduo de cada modelo, e o desvio médio absoluto dos resíduos (DMA), conforme proposto por SARMENTO (2006), calculado como o somatório dos desvios entre os pesos observados e estimados, dividido pelo número de observações. Utilizou-se então um índice combinando os critérios citados acima, denominado índice assintótico (IA), descrito por Ratkowsky (1990), em que atribui-se valor 100 para a maior estimativa de cada critério, sendo os demais ponderados em relação a este, assim  $IA = (DPA + DMA) - R^2$ .

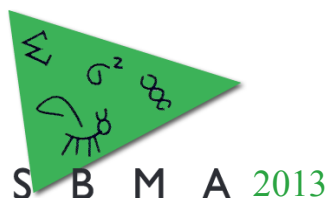
### Resultados e Discussão

As equações propostas por Gompertz, logístico, von Bertalanffy e Richards com todos os critérios adotados para avaliar a qualidade de ajuste constam na Tabela 1.

Tabela 1. Critérios de qualidade de ajuste para os modelos não lineares em estudo

Modelo	Critérios de qualidade de ajuste							
	Genótipo	$R^2_{aj}$ (%)	QME	AIC	BIC	DMA	DPA	IA
Gompertz	LF1	96,18	316,6	6358,0	6362,6	100,00	100,00	103,82
	UFV3	97,03	308,0	6132,3	6136,9	11,371	17,537	-68,121
	EV2	96,82	271,1	6319,8	6324,4	10,416	16,455	-69,948
Logístico	LF1	96,16	318,1	6361,3	6365,9	11,377	100,00	15,217
	UFV3	97,01	309,3	6135,0	6139,6	100,00	17,571	20,561
	EV2	96,81	272,0	6322,0	6326,6	10,640	16,479	-69,691
Von Bertalanffy	LF1	96,16	318,4	6362,0	6366,6	100,00	100,00	103,84
	UFV3	97,00	310,9	6138,6	6143,2	11,357	17,615	-68,027
	EV2	96,78	274,3	6328,0	6332,6	10,728	16,545	-69,506
Richards	LF1	96,18	316,8	6357,6	6362,2	100,00	100,00	103,84
	UFV3	97,20	308,4	6132,3	6136,8	11,103	17,536	-68,56
	EV2	96,81	271,5	6319,8	6324,4	10,412	16,455	-69,94

$R^2_{aj}$ : coeficiente de determinação ajustado; QME: quadrado médio do erro; AIC: valor do critério de Akaike; BIC: valor do critério de informação Bayesiano; DMA – Desvio médio absoluto; DPA – Desvio Padrão Assintótico; IA: índice assintótico.



Todos os modelos, de forma geral, apresentaram bom ajuste independente do grupo genético avaliado (Tabela 1) (maior  $R^2_{aj}$ , menor AIC, BIC, DPA, DMA e IA) e semelhantes para descrever o crescimento dos grupos genéticos de codornas de corte em função da idade.

Os modelos não lineares avaliados atingiram a convergência (Tabela 2), entretanto, o modelo Richards superestimou o ponto de inflexão (m) para os grupos genéticos em estudo, isto mostra que este modelo não se adequa à descrição dos pesos corporais para os genótipos estudados, o que pode ser explicado pela correlação alta e negativa entre os parâmetros b e m.

Tabela 2. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimentos de diferentes genótipos de codornas de corte (*Coturnix coturnix*)

Modelo	Genótipo	Estimativa			
		a	B	K	m
Gompertz	LF1	359,7	3,859	0,0686	-
	UFV3	410,5	3,799	0,0678	-
	EV2	362,7	3,786	0,0699	-
Logístico	LF1	332,2	-	0,0837	5,229
	UFV3	379,9	-	0,0824	5,133
	EV2	337,1	-	0,0848	5,115
Von Bertalanffy	LF1	459,9	0,778	0,0421	-
	UFV3	516	0,776	0,0425	-
	EV2	449,4	0,774	0,0443	-
Richards	LF1	375,5	0,273	0,0623	12,49
	UFV3	418,3	0,139	0,0649	25,78
	EV2	3634	0,0173	0,0605	217,7

a = peso assintótico ou peso médio à maturidade; b = constante de integração sem interpretação biológica; k = taxa de crescimento; e, m = ponto de inflexão.

O grupo genético UFV3 apresentou maiores estimativas do peso assintótico que indica maior potencial de crescimento em relação aos demais grupos genéticos. O parâmetro b, ou constante de integração, não possui interpretação biológica e é utilizado para adequar o valor inicial do tamanho ao nascimento fazendo com que a curva passe pela origem.

Maiores estimativas do parâmetro k, que indicam eficiência de crescimento, foram obtidas ao se ajustarem os modelos não lineares Gompertz, Logísticos e von Bertalanffy para o grupo genético EV2, o que sugere maior precocidade deste grupo genético em relação aos demais. A menor estimativa de k obtida, ao se ajustar o modelo Richards, é decorrente da superestimação do parâmetro k.

### Conclusões

Os modelos não lineares avaliados apresentaram bom ajuste e podem ser utilizados para descrever o crescimento de codornas de corte, com exceção do modelo Richards que superestimou o ponto de inflexão.

### Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro recebido da CAPES, CNPq e FAPEMIG.

### Literatura citada

- ARANGO, J. L.; VLECK, D.V. Size of beef cows: early ideas, new developments. **Genetics and Molecular Research**, v. 1, n.1, p.51-63, 2002.
- SARMENTO, J.L.R. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p.435-442, 2006.
- SILVEIRA, F. G; SILVA, F. F.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MUNIZ, J. A. Análise de agrupamento na seleção de modelos de regressão não lineares para curvas de crescimento de ovinos de corte. **Ciência Rural**, v.41, n.4, p. 692-698, 2011.