

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
João Pessoa PB – 20 a 22 de junho de 2012

Interação genótipos ambientes via normas de reação para peso aos 365 dias de idade na raça Nelore Mocha do Nordeste do Brasil¹

Paulo Luiz Souza Carneiro², Diego Pagung Ambrosini³, Carlos Henrique Mendes Malhado², Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso², Raimundo Martins Filho⁴

¹Parte da dissertação de mestrado do segundo autor, financiada pela FAPESB

²Departamento de Ciências Biológicas - UESB/Jequié, BA: plscarneiro@gmail.com, carlosmalhado@gmail.com, paulomelloaffonso@yahoo.com.br

³Doutorando em Zootecnia- UESB/Itapetinga, BA. Bolsista da FAPESB: diegopagung@yahoo.com.br

⁴Professor Visitante Nacional Sênior do Campus da UFC/Cariri, CE: rmartinsfilho@yahoo.com.br

Resumo – Avaliou-se a presença de interação genótipos x ambientes (IGA), utilizando modelos estatísticos com diferentes pressuposições a respeito da variância genética e residual, sobre o peso ajustado aos 365 dias de idade (P365) em bovinos da raça Nelore Mocho. Cinco modelos foram estudados, um modelo animal padrão (MA) e quatro modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR). Para os MHNR, foram consideradas duas pressuposições para a variância residual, homogênea (HO) e heterogênea (HE). O critério de informação da *deviance* (DIC) e da *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB) mostrou que o modelo hierárquico de normas de reação com variância homogênea de um passo (MHNRHO_{1P}) proporcionou melhor ajuste aos dados comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o MA. As herdabilidades nos MHNR foram crescentes nos gradientes ambientais, sendo as correlações entre o nível e a inclinação das normas de reação de média a alta magnitude (0,68 e 0,97), o que caracterizou IGA com efeito escala. Os modelos hierárquicos de normas de reação são eficientes para descrever a presença de interação genótipos ambientes na característica P365 em bovinos Nelore Mocho.

Palavra-chave: avaliação genética, inferência bayesiana, gradiente ambiental, regressão aleatória

Genotype environment interaction based on norms of reaction for weight at 365 days of age in Polled Nelore breed from Northeastern Brazil

Abstract - The presence of genetic x environment interaction (GEI) based on two statistical models with different predictions of genetic and residual variance was evaluated for the adjusted weight at 365 days of age (W365) in polled Nelore cattle. Five models were studied, being one standard model (SM) and four hierarchical models of norms of reaction (HMNR). In the HMNR, two predictions of residual variance were considered: homogeneous (HO) and heterogeneous (HE). The deviance information criterion (DIC) and deviance based on Bayes factors (BF) revealed that the hierarchical norm of reaction model with one-step homogeneous variance (HMNRHO1S) yielded the best adjustment to the data when compared to heterogeneous residual variance and SM. The heritability values in HMNR increased according to environmental gradients, while the correlation between the level and the inclination of norms of reaction ranged from medium to high (0.68 and 0.97), thus characterizing a scale effect in GEI. The hierarchical models of norms of reaction are efficient to describe the genotype-environmental interaction for W365 in polled Nelore cattle.

Keywords: Bayesian inference, environmental gradient, genetic evaluation, random regression

Introdução

Interações genótipos x ambientes (IGA) ocorrem quando os genótipos respondem de forma diferenciada às mudanças nos ambientes, ou seja, é todo o repertório de vias alternativas de desenvolvimento e metabolismo que podem ocorrer nos portadores de um dado genótipo em todos os ambientes possíveis, favoráveis e desfavoráveis, naturais ou artificiais.



Em virtude de sua enorme extensão territorial, o Brasil apresenta uma gama de ambientes para produção animal, fazendo-se necessários estudos de IGA para que se possa indicar o melhor genótipo para determinado ambiente. Atenção especial deve ser dada ao Nordeste do Brasil, já que existem poucos estudos de IGA e cujas condições de criação existentes, abrangem desde áreas adequadas a produção animal a regiões menos favorecidas, próximo ao Nordeste Central, em que o semiárido se destaca.

A inclusão da IGA nos modelos estatísticos ainda tem sido desconsiderada nas avaliações genéticas rotineiras do Brasil. Com o aumento do uso da inseminação artificial touros tem sido utilizados intensivamente em regiões com diferenças marcantes de ambiente de produção. Uma alternativa para os estudos da IGA é a utilização de modelos de norma de reação, que ajustam uma trajetória aleatória para cada genótipo, permitindo que cada animal tenha desempenho diferenciado nos diferentes ambientes de produção (MERCADANTE et al., 2002).

Estudos utilizando modelos de norma de reação via inferência Bayesiana tem sido realizados no Brasil, como os de CARDOSO et al., 2011, ESPASANDIN, et al., 2011 e MATTAR, et al., 2011. Estes autores verificaram a existência de heterogeneidade de variância genética e caracterizaram a presença de IGA em Taurinos criados na Região Sul do Brasil. Entretanto, estudos com Zebuínos da região Nordeste do Brasil ainda não foram realizados. Assim, objetivou-se com verificar a presença da IGA para peso ajustado aos 365 dias de idade na raça Nelore Mocha por meio de norma de reação utilizando abordagem Bayesiana.

Material e métodos

Foram utilizados registros de animais da raça Nelore Mocha nascidos entre 1975 e 2007 na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Do banco de dados inicial com 35.221 registros, foram excluídos 18.267 animais sem peso, 112 desconectados, 102 com medidas fora do intervalo entre 120 kg e 450 kg, 171 vacas com menos de 1,9 e mais de 25 anos, 294 reprodutores com menos de 5 progênes e 5.701 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 5 observações e com peso que superaram a média em 3 desvios padrão. Assim, 10.574 foram utilizados para análises para do peso ajustado aos 365 dias de idade (P365).

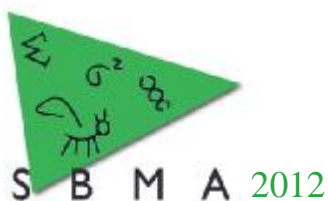
Foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, usando rotinas criadas por CARDOSO (2007) em linguagem SAS (SAS, 2002). Em seguida, foi testada a conexão dos grupos de contemporâneos (GC), baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC. Foi realizada leitura da saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados. A conectabilidade dos grupos de contemporâneos (GC) resultou em apenas um arquipélago principal com 10.574 animais em 828 GC. Os GC foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar, fazenda e sexo. As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: maio, junho e julho; época 2: agosto, setembro e outubro; época 3: novembro, dezembro e janeiro; e época 4: fevereiro, março e abril).

O programa INTERGEN foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação. Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 55.000 e 220.000 ciclos. Médias, desvios-padrão e percentis (0,025 e 0,975) a posteriori dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais pelo Procedimento KDE do SAS (SAS, 2002).

O ajuste dos diferentes modelos (modelo animal - MA, modelo hierárquico norma de reação homogêneo um passo - MHNRRHO_{1P}, MHNRRHO dois passos - MHNRRHO_{2P}, modelo hierárquico norma de reação heterogêneo um passo - MHNRRHE_{1P} e MHNRRHE dois passos - MHNRRHE_{2P}) aos dados foram avaliados através de três critérios: Critério de Informação da *Deviance* (DIC), *Deviance* baseada nos Fatores de Bayes (BF) e *Deviance* baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de GEWEKE (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados.

Resultados e discussão



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
João Pessoa PB – 20 a 22 de junho de 2012

A média e desvio padrão observados para o P365 foi de 240 ± 46 kg. Obteve-se convergência a 5% ($p > 0,05$) para todos os parâmetros de todos os modelos dentro de um intervalo entre 55.000 e 220.000 ciclos.

A herdabilidade estimada para o P365 no modelo animal padrão foi de $0,29 \pm 0,03$ (Tabela 1). Esse valor é superior à estimativa do modelo de melhor ajuste (MHNRRHO_{1p}) no nível ambiental baixo. Neste nível ambiental (-46) a herdabilidade do modelo animal ficou próxima ao MHNRRHE_{2p} e pouco abaixo do MHNRRHO_{2p} e do MHNRRHE_{1p}. Entretanto, as estimativas de herdabilidade para os modelos de norma de reação aumentaram com a melhoria das condições ambientais.

As mudanças dos parâmetros genéticos no gradiente ambiental para os modelos de norma de reação, indicam alocação de parte da variação em fatores genéticos em detrimento aos ambientais, o que pode proporcionar maior resposta à seleção, especialmente em ambientes de melhor manejo.

Tabela 1 Média Posterior e desvio padrão dos componentes de variância e herdabilidade nos diferentes níveis do gradiente ambiental e a correlação genética entre o nível e a inclinação das normas de reação obtidos nos diferentes modelos.

Modelos	Gradiente ambiental	σ_a^2	σ_e^2	h^2	σ_p^2	Correlação
MA	0	237,59 ± 25,06	568,99 ± 20,22	0,29 ± 0,03	806,58	
	-46	66,96 ± 29,73	472,20 ± 19,94	0,21 ± 0,04	539,16	
MHNRRHO _{2p}	0	326,73 ± 46,76	472,20 ± 19,94	0,41 ± 0,04	798,93	0,80 ± 0,06
	46	859,76 ± 63,79	472,20 ± 19,94	0,65 ± 0,02	1331,96	
MHNRRHO _{1p}	-46	64,42 ± 13,25	475,19 ± 16,04	0,12 ± 0,02	539,61	
	0	330,43 ± 35,77	475,19 ± 16,04	0,41 ± 0,02	805,63	0,97 ± 0,01
MHNRRHE _{2p}	46	842,31 ± 58,29	475,19 ± 16,04	0,64 ± 0,02	1317,51	
	-46	157,00 ± 34,39	402,73 ± 19,93	0,28 ± 0,04	559,73	
MHNRRHE _{1p}	0	277,94 ± 55,25	520,25 ± 22,68	0,35 ± 0,04	798,19	0,68 ± 0,11
	46	574,05 ± 76,11	672,08 ± 59,26	0,46 ± 0,04	1246,12	
MHNRRHE _{1p}	-46	122,75 ± 13,99	485,64 ± 21,93	0,20 ± 0,02	608,40	
	0	326,73 ± 43,39	560,99 ± 25,33	0,37 ± 0,03	887,72	0,90 ± 0,04
	46	859,76 ± 72,78	648,03 ± 61,26	0,57 ± 0,04	1507,79	

σ_a^2 ; σ_e^2 ; σ_p^2 e h^2 Variância Genética, residual, fenotípica e herdabilidade respectivamente.

As correlações genéticas entre intercepto e inclinação das normas de reação variaram de média alta magnitude (0,68 a 0,97). As correlações de alta magnitude indicam que os animais com maior valor genético foram os que mais responderam a melhoria ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade.

As variâncias fenotípicas para todos os modelos de normas de reação foram similares em seus respectivos níveis do gradiente ambiental (baixo, médio e alto), sendo que para o modelo animal a estimativa foi similar ao nível médio do gradiente ambiental. A variância genética nos MHNRRHO foram inflacionadas devido a falta de ajuste da variância residual para o gradiente ambiental. Nos MHNRRHE, este ajuste foi feito, reduzindo o aumento da variância genética e consequentemente da herdabilidade.

Conclusões

Os modelos hierárquicos de normas de reação podem ser usados para descrever a presença da interação genótipos ambientes para o peso ajustado aos 365 dias de idade em bovinos da raça Nelore Mocha do Nordeste do Brasil. O modelo com pressuposição de homogeneidade de variância residual e um passo foi o que melhor se ajustou aos dados.

Agradecimentos



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
João Pessoa PB – 20 a 22 de junho de 2012

Gostaríamos de agradecer ao CNPq pela bolsa de pesquisa ao professor Paulo Luiz Souza Carneiro, à Associação Brasileira de Criadores de Zebu pelo acesso aos seus dados e à UESB e FAPESB pelo apoio financeiro.

Literatura citada

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. (CD-ROM).

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCI, J. A.; BIASUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype \times environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

ESPASANDIN, A.C.; URIOSTE, J.I.; CAMPOS, L.T.; ALENCAR, M.M. Genotype \times country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.40 n.3 Viçosa mar. 2011.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 526p, 1992.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype \times environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**, 2011.

MERCADANTE, M. E. Z., PACKER, I. U., RAZOOK, A. G. et al., 2002. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p. 1726 – 1733.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2002.