

## *VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal* *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

### **Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heterocedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé**

Fernando Flores Cardoso<sup>1</sup>, Mauricio Morgado de Oliveira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pesquisador da EMBRAPA Pecuária Sul - Bagé – RS. e-mail: [fcardoso@cppsul.embrapa.br](mailto:fcardoso@cppsul.embrapa.br)

<sup>2</sup>Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia-UFPEL/Pelotas–RS, e-mail: [mmo@ufpel.tche.br](mailto:mmo@ufpel.tche.br), bolsista do CNPq

**Resumo** – O objetivo deste estudo foi propor um modelo animal multirracial de normas de reação robusto e heterocedástico (MAMR-NR-T-HE) para considerar interação genótipo, heterogeneidade de variância residual devido à raça, heterozigosidade, sexo, grupo de contemporâneos e ambientes, e robustez para dados extremos. Foram utilizados 4.016 registros de ganho de peso pós-desmame do rebanho de formação da raça Brangus-Ibagé da Embrapa Pecuária Sul, analisados por um modelo animal (MA) convencional, um MA com normas de reação (MA-NR), um MA multirracial robusto e heterocedástico (MAMR-T-HE) e pelo MAMR-NR-T-HE proposto. O melhor ajuste aos dados foi pelo MAMR-NR-T-HE, sendo suas estimativas de herdabilidade para diferentes grupos raciais todas crescentes no gradiente ambiental, o que indica que uma maior proporção das diferenças de desempenho é explicada por fatores genéticos em relação aos ambientais à medida que melhoram as condições de criação, desta forma aumentando a resposta a seleção.

**Palavras-chave:** Angus, avaliação genética, inferência bayesiana, multirracial, Nelore, normas de reação

### **Characterization of genotype by environment interaction via robust and heteroskedastic Bayesian inference on post-weaning gain of Brangus Cattle**

**Abstract** – The objective of this study was to propose a robust and heteroskedastic reaction norms multibreed animal model (T-HE-RN-MAM) to consider genotype by environment interaction, heterogeneity of residual variance due to breed, heterozygosity, sex, contemporary groups and environments, and robustness to outliers. Post-weaning weight gain (PWG) records on 4,016 animals of the Brangus-Ibage foundation herd of Embrapa – South Cattle & Sheep were analyzed by a conventional animal model (AM), a reaction norms AM, robust heteroskedastic multibreed AM and the proposed a RN-T-HE-MAM. The RN-T-HE-MAM was the one that best fit the data, having all its heritability estimates for the different breed groups increasing on the environmental gradient. This indicates that a larger proportion of performance differences are explained by genetic compared to environmental factors as breeding conditions are improved, thereby increasing selection response.

**Keywords:** Angus, Bayesian inference, genetic evaluation, multibreed, Nelore, reaction norms

### **Introdução**

Em populações multirraciais criadas em ambientes diversos é importante considerar que a relação entre o desempenho e a contribuição de cada raça não é necessariamente linear para todas as composições, podendo também ser dependente do ambiente (Arthur et al., 1999). Uma alternativa para verificar a presença de interação genótipo ( $G^*A$ ) é via normas de reação obtidas por regressão aleatória (Kolmodin et al., 2002), na qual, através de funções de covariância é possível determinar a norma de reação dos animais a variações gradativas no ambiente de produção. Os objetivos desse estudo foram: 1) Verificar a existência de interação genótipo-ambiente no desempenho do rebanho Brangus-Ibagé da Embrapa Pecuária Sul através de um modelo de normas de reação; 2) Propor um modelo multirracial de normas de reação e comparar com o modelo de normas de reação tradicional, e 3) Verificar as conseqüências do emprego de um modelo multirracial de normas de reação nas estimativas de parâmetros genéticos.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados neste estudo, dados de ganho pós-desmame (GPD) padronizado para um período de teste de 345 dias do rebanho de formação da raça Brangus-Ibagé (3/8 Nelore x 5/8 Angus) da EMBRAPA Pecuária Sul, totalizando 4.016 registros e 4.819 animais representados no arquivo de pedigree. Os animais com registros tiveram composições raciais que variavam de Angus puro a  $\frac{3}{4}$  Nelore, com nenhum animal Nelore puro com registro. Todos esses animais foram criados em pastejo sob condições extensivas.

Para as análises foram adotados quatro modelos distintos: 1) Modelo animal (MA), que representa o modelo tradicional de avaliação genética, 2) Modelo animal multirracial heterocedástico robusto (MAMR-T-HE; Cardoso et al., 2005), que pressupõem variâncias genéticas específicas para cada raça, variância residual heterocedástica (HE) e densidade marginal  $t$  de Student (T); 3) Modelo animal de normas de reação (MA-NR), considerando interação  $G^*A$  via normas de reação, entretanto assumindo homogeneidade de variância genética entre raças, e; 4) Modelo animal multirracial de normas de reação com erros  $t$  de Student heterocedásticos (MAMR-NR-T-HE), considerando interação  $G^*A$ , com variâncias genéticas e residuais heterocedásticas (HE) e robustez para dados extremos (T). O modelo linear misto para todas essas especificações residuais incluiu os efeitos “fixos” de sexo, coeficientes de regressão linear e quadrático associados com idade da vaca; efeitos da proporção da raça Angus, dominância Nelore-Angus e epistático aditivo x aditivo Nelore-Angus e suas interações com o ambiente; e os efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos (GC) e genéticos aditivos no nível e inclinação da norma de reação. A inferência foi baseada em métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov de 100.000 ciclos, após um período de descarte de 10.000 ciclos. Para verificar o modelo de melhor ajuste foram utilizados o Critério de Informação da Deviance (DIC) e a deviance baseada nos pseudo-fatores de Bayes (PBF).

### **Resultados e Discussão**

Os resultados obtidos para os critérios para avaliar o ajuste dos modelos, DIC e a deviance baseada em PBF, favoreceram os modelos de norma de reação em relação aos modelos sem considerar interação  $G^*A$ , dentro de uma mesma especificação de estrutura

racial (MA-NR vs. MA e MAMR-NR-T-HE vs. MAMR-T-HE) e, por outro lado, favorecem os modelos animais multirraciais em relação aos modelos animais tradicionais dentro uma mesma especificação de interação G\*A, isto é, MAMR-NR-T-HE superou MA-NR e MAMR-T-HE foi superior a MA. Frente a esses resultados, o MAMR-NR-T-HE, foi o modelo mais adequado.

A média a posteriori de dos graus de liberdade ou parâmetros de robustez ( $\nu$ ) nos modelos robustos  $t$  de Student, MAMR-T-HE e MAMR-NR-T-HE, foram  $8,16 \pm 1,67$  e  $8,35 \pm 1,84$ , respectivamente. Esses resultados foram bastante similares aos obtidos por Cardoso et al. 2005 para o modelo  $t$  de Student heterocedástico de  $7,33 \pm 0,48$ , associados com a presença substancial de dados extremos em relação à pressuposição de distribuição normal dos resíduos (Stranden & Gianola, 1998).

A heterocedasticidade residual entre GC foi ajustada no modelo pela especificação de efeitos escalares aleatórios para a variância residual e pelo parâmetro de heterocedasticidade  $\eta$  (Cardoso et al., 2005). As médias a posteriori de  $\eta$  de  $4,50 \pm 0,93$  e  $5,58 \pm 1,40$  para MAMR-T-HE e MAMR-NR-T-HE, respectivamente, demonstram evidência de heterocedasticidade entre GC. Observa-se uma tendência de que a variabilidade residual diminua com o aumento da proporção da raça Angus, uma vez que o correspondente fator multiplicativo da variância residual foi de  $0,73 \pm 0,24$  e  $0,47 \pm 0,16$ , respectivamente, para MAMR-T-HE e MAMR-NR-T-HE. Já, o efeito da heterozigosidade para MAMR-T-HE e MAMR-NR-T-HE foram  $0,36 \pm 0,10$  e  $0,34 \pm 0,09$ , respectivamente, indicando que enquanto a aumenta heterozigosidade a variabilidade residual diminui. Este resultado é consistente com a teoria que a heterozigosidade age como um tampão homeostático para minimizar a variação ambiental e com os resultados obtidos por outros autores (Cardoso et al., 2005). Observa-se que o efeito de sexo na variabilidade residual foi muito similar nos dois modelos de erro heterocedástico, e pelo MAMR-NR-T-HE machos inteiros ( $1,33 \pm 0,19$ ) apresentaram variabilidade residual 30% maior do que os machos castrados ( $1,01 \pm 0,13$ ) e que as fêmeas (restringido em 1,00). Para o MAMR-NR-T-HE, no qual foi considerada a interação dos efeitos genéticos fixos e o nível ambiental - X, representado pelas soluções dos GC, observou-se que os efeitos da proporção de Angus e da dominância são potencializados pela melhora ambiental. Por outro lado, as perdas por recombinação são mais acentuadas à medida que o ambiente se torna mais restritivo e tendem a ser minimizadas nos ambientes mais favoráveis.

As médias a posteriori da herdabilidade do GPD em função do gradiente ambiental para o MAMR-NR-T-HE, apresentadas na fig. 1 para diferentes grupos raciais, são todas crescentes no gradiente ambiental e estão de acordo com os resultados obtidos por outros autores estudando ganho pós-desmama de raças britânicas (Cardoso et al., 2007a; Cardoso et al., 2007b). Esses resultados indicam que uma maior proporção das diferenças entre os animais é explicada por fatores genéticos em relação aos ambientais à medida que melhoram as condições de criação.

### Conclusões

Avaliações genéticas multirraciais considerando a interação genótipo-ambiente por meio de normas de reação são capazes de explicar uma porção substancialmente maior da variação de desempenho entre os animais por meio de diferenças genéticas aditivas e, podem proporcionar uma resposta à seleção consideravelmente maior no ganho de peso pós-desmama de animais cruzados Angus-Nelore.

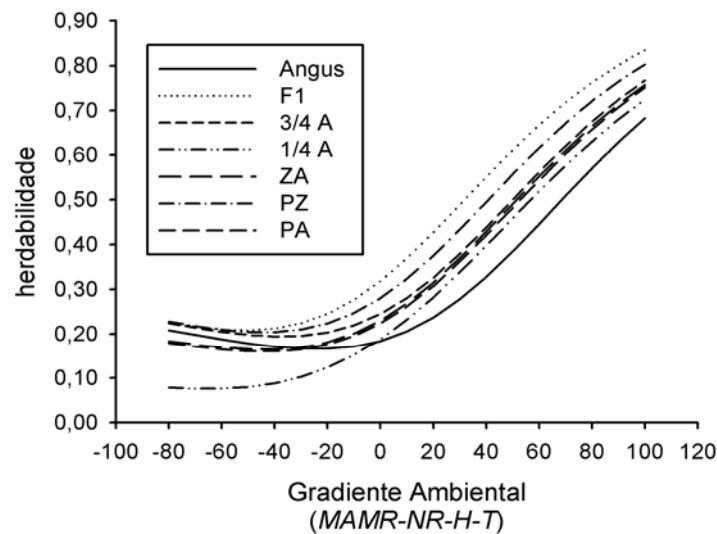


Figura 1 – Média a posteriori da herdabilidade do ganho pós-desmame (GPD) de acordo com o gradiente ambiental dos grupos raciais: Angus;  $\frac{1}{2}$  Angus –  $\frac{1}{2}$  Nelore (F<sub>1</sub>);  $\frac{3}{4}$  Angus –  $\frac{1}{4}$  Nelore;  $\frac{1}{4}$  Angus –  $\frac{3}{4}$  Nelore;  $\frac{5}{8}$  Angus –  $\frac{3}{8}$  Nelore (ZA);  $\frac{5}{8}$  Angus –  $\frac{3}{8}$  Nelore (PZ) e  $\frac{5}{8}$  Angus –  $\frac{3}{8}$  Nelore (PA)

#### Literatura Citada

- ARTHUR, P.F.; HEARNshaw, H.; STEPHENSON, P.D. Direct and maternal additive and heterosis effects from crossing *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle: cow and calf performance in two environments. **Livestock Production Science**, v.57, n.3, p.231-241, 1999.
- CARDOSO, F.F.; BRACCINI NETO, J.; CAMPOS, L.T.; COBUCCI, J.A.; CARDOSO, L. et al. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Hereford via normas de reação. In: REUNIÃO LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 20., 2007, Cuzco. **Anais...** Cuzco: Associação Peruana de Produccion Animal, 2007a.
- 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...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007b.
- CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica Section a-Animal Science**, v.52, n.1, p.11-24, 2002.
- STRANDEN, I.; GIANOLA, D. Attenuating effects of preferential treatment with Student-t mixed linear models: a simulation study. **Genetics Selection and Evolution**, v.30, n.6, p.565-583, 1998.