



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

Modelos hierárquicos bayesianos para estimativas de interação genótipo x ambiente em ganho pós-desmama de bovinos Hereford via normas de reação

Leandro Lunardini Cardoso¹, José Braccini Neto², Fernando Flores Cardoso³, Jaime Araujo Cobuci², Igor de Oliveira Biassus¹, Júlio O. Jardim Barcellos², Fernanda Varnieri Brito¹, Leonardo Talavera Campos⁴

¹Aluno do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFRGS/Porto Alegre. Bolsista CAPES.

lunardini.cardoso@ufrgs.br

²Professor do Departamento de Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS/Porto Alegre.

³Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. CP 242 Bagé/RS. 96401-970. fcardoso@cppsul.embrapa.br

⁴Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares. Rua Anchieta 2043 Pelotas/RS.

Resumo – A característica ganho de peso pós-desmama ajustada (GPD345) de bovinos da raça Hereford foi analisada para avaliar diferentes modelos hierárquicos bayesianos e caracterizar a presença de interação G*A e verificar qual o modelo que melhor se ajusta ao banco de dados em estudo. Quatro modelos (MHNR) foram empregados por meio do programa INTERGEN. O MHNR2 utiliza as soluções de grupos contemporâneos estimadas previamente pelo modelo animal padrão (MA) e as considera como nível ambiental e o de uma única análise MHNR1 que estima simultaneamente esses dois conjuntos de incógnitas considerando nas duas metodologias a variância residual homogênea (HM) e heterogênea (HT). Pelo critério de informação da “deviance”, o MHRN1HM foi que apresentou melhor ajuste aos dados, seguido pelo MHNR1HT, MHNR2HM, MHNR2HT e o pior ajuste foi obtido pelo MA. As herdabilidades nos MHNR foram crescentes nos gradientes ambientais em GPD345 de -60; 0 e +60 kg. As correlações genéticas entre o nível e inclinação das normas de reação foram de alta magnitude caracterizando efeito de escala em interação G*A.

Palavras-chave: avaliação genética, inferência bayesiana, regressão aleatória, sensibilidade ambiental

Hierarchical Bayesian models for genotype by environment interaction estimative applied to post-weaning gain of Hereford cattle via reactions norms

Abstract – The characteristic weight post weaning gain (GPD345) of Hereford cattle was analyzed to value different hierarchical bayesian models and to characterize the presence of genotype by environment interaction (G*A) and to with model best fit to the database in a peaper. Four models were used through the program INTERGEN. MHNR2 uses the solutions of contemporary groups previously esteemed by the standard animal model (MA) and it considers them as environmental level and the one of an only analysis MHNR1 with esteems simultaneously this two incognito groups considering in the two methodologies the homogeneous residual variance (HM) and heterogeneous residual variance (HT). For the

criterion of information of the deviance, MHRN1HM was that one that presented the best adjustment to the data, followed for MHNR1HT, MHNR2HM, MHNR2HT and the worst adjustment was obtained by MA. The heritabilities in MHNR were increasing in the environmental gradients, in GPD345 of -60; 0 and +60 kg. The genetic correlations between the level and inclination of the reaction norms were of high magnitude characterizing scale effect in interaction G*A.

Keywords: bayesian inference, environmental sensitivity, genetic evaluation, random regression

Introdução

A presença de interação genótipo x ambiente (G*A) é caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos frente às variações ambientais, e pode ocasionar alteração no ordenamento de desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes. A verificação da presença de interação G*A é de grande importância para os programas de melhoramento genético, pois implica que os animais identificados como melhoradores em um determinado ambiente, não terão necessariamente a progênie de melhor desempenho se essa for criada em condições diferentes do ambiente dos quais os pais foram selecionados. A resposta a variações gradativas no ambiente de produção pode ser caracterizada através de normas de reação obtidas por meio de funções de covariância via modelos de regressão aleatória. Desta forma, é possível identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes modelos hierárquicos bayesianos para caracterizar a presença de interação G*A via normas de reação no ganho de peso pós-desmama de bovinos Hereford criados no Brasil e verificar qual o modelo que melhor se ajusta ao banco de dados em estudo.

Material e Métodos

Foram utilizados neste trabalho dados de ganho de peso pós-desmama padronizado para um período de 345 dias (GPD345), o arquivo de dados foi proveniente de rebanhos da raça Hereford participantes do Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne (PROMEBO) da Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" com nascimentos de 1972 a 2003 contendo 62.004 observações após consistência. Quatro modelos foram empregados por meio do programa INTERGEN (Cardoso, 2004): um modelo animal (MA) ignorando interação G*A e quatro modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR). Nesses modelos hierárquicos, o primeiro estágio corresponde à densidade condicional amostral do vetor de dados, assumindo que os registros de GPD345 têm distribuição normal, com média determinada por uma função linear dos efeitos fixos de covariáveis para idade da vaca e idade do bezerro com coeficientes lineares e quadráticos, efeito aleatório de ambiente do grupo de contemporâneos (GC: rebanho, ano, estação, manejo, sexo e data da pesagem) e efeitos genéticos (intercepto e coeficiente de regressão linear aleatórios, correspondentes à norma de reação do animal ao ambiente), com variância residual (VE) homogênea e heterogênea por meio de uma função linear na escala logarítmica do desvio ambiental (X), o qual foi determinado pela solução do GC correspondente ao registro. Neste caso, o valor genético do animal (ou norma de reação) é obtido pela soma do intercepto com o produto do coeficiente de inclinação e X, ou seja, para cada ambiente há um valor genético específico de cada animal. No segundo estágio, para os parâmetros de locação adotaram-se densidades a priori uniformes para os efeitos fixos e para os efeitos de GC e genéticos, assumiu-se vetor de médias nulo e matriz de covariância diagonal no caso de GC, e determinada pelas

relações de parentesco e pelas variâncias genéticas aditivas do nível ou intercepto (VA) e da inclinação (VB) das normas de reação, e pela covariância entre nível e inclinação (COVAB) da norma de reação, para efeitos genéticos. Deste modo, a variância genética aditiva no ambiente X ($VG|X$) é dada por $VG|X = VA + X \cdot X \cdot VB + 2 \cdot X \cdot COVAB$. Finalmente, o terceiro estágio foi composto por uma distribuição de Wishart invertida para a matriz de covariância das normas de reação e Gama invertida para as variâncias de GC e residual, e para o fator de heterogeneidade de variância. A distinção entre os MHNHR dá-se pela forma de obtenção de X, num caso o procedimento estima conjuntamente X e a norma de reação em uma única análise (MHNHR1) com VE homocedástica (MHNHR1HM) e VE heterocedástica (MHNHR1HT), similarmente ao proposto por Su et al. (2006), enquanto que no outro, o procedimento de Kolmodin et al. (2002) dá-se em dois passos (MHNHR2), com X obtido pelas soluções de GC oriundas de análise prévia usando o MA padrão com VE homogênea (MHNHR2HM) e heterogênea (MHNHR2HT). As estimativas dos parâmetros foram obtidas usando-se uma abordagem bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via cadeias de Markov de 100.000 ciclos, após um período de descarte de 10.000 ciclos. Os modelos MA e os MHNHR foram comparados utilizando-se o critério de informação da “deviance” (DIC).

Resultados e Discussão

Para o modelo MA as médias a posteriori da variância residual e genética aditiva foram de $625,53 \pm 6,38$ e $68,33 \pm 6,18 \text{ kg}^2$ e a herdabilidade (h^2) estimada foi de $0,10 \pm 0,01$, sendo de valor inferior a $0,19 \pm 0,02$ obtido por Cardoso et al. (2005), na raça Angus com base no MA e mesma metodologia estatística. Para os modelos MHNHR1HM, MHNHR1HT, MHNHR2HM e MHNHR2HT, os parâmetros genéticos médios a posteriori dos componentes da VE e VA e as h^2 com seus respectivos desvios padrão para os gradientes ambientais (alto, médio e baixo) encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1- Média e desvio padrão a posteriori da variância residual (VE), variância genética (VA), variância fenotípica (VP), herdabilidade (h^2) em diferentes níveis de ambiente (X) e correlações genéticas entre nível e inclinação das normas de reação obtidos por modelos hierárquicos de normas de reação com procedimentos de um (MHNHR1) e dois passos (MHNHR2) considerando variâncias residuais homogêneas (HM) e heterogêneas (HT).

Modelo	X (kg)	VE	VA	h^2	Correlação
MHNHR1HM	- 60	$432,03 \pm 5,17$	$30,95 \pm 3,78$	$0,07 \pm 0,01$	
	0	$432,03 \pm 5,17$	$261,46 \pm 12,09$	$0,38 \pm 0,01$	
	+60	$432,03 \pm 5,17$	$772,43 \pm 25,67$	$0,64 \pm 0,01$	$0,97 \pm 0,01$
MHNHR1HT	- 60	$440,60 \pm 8,27$	$56,61 \pm 3,81$	$0,11 \pm 0,01$	
	0	$508,46 \pm 10,96$	$234,59 \pm 13,29$	$0,32 \pm 0,02$	
	+60	$587,05 \pm 22,36$	$536,67 \pm 31,59$	$0,48 \pm 0,02$	$0,99 \pm 0,01$
MHNHR2HM	- 60	$442,55 \pm 5,62$	$50,39 \pm 4,20$	$0,10 \pm 0,01$	
	0	$442,55 \pm 5,62$	$259,51 \pm 8,22$	$0,37 \pm 0,01$	
	+60	$442,55 \pm 5,62$	$634,97 \pm 15,84$	$0,59 \pm 0,01$	$0,99 \pm 0,01$
MHNHR2HT	- 60	$422,17 \pm 4,95$	$37,25 \pm 3,65$	$0,08 \pm 0,01$	
	0	$579,03 \pm 6,99$	$115,19 \pm 8,05$	$0,17 \pm 0,01$	
	+60	$239,62 \pm 17,74$	$239,62 \pm 17,74$	$0,23 \pm 0,02$	$0,98 \pm 0,01$

As h^2 para os modelos foram crescentes no gradiente ambiental e de valores mais elevados nos ambientes médios e altos, demonstrando que há modificação nos parâmetros genéticos em função do ambiente evidenciando a atribuição de maior proporção da variação fenotípica a fatores genéticos em relação a fatores ambientais por esses modelos e maior resposta à seleção principalmente nos melhores ambientes caracterizando efeito de escala em interação G*A. As correlações genéticas entre o nível e a inclinação da norma de reação foram semelhantes dentro e entre modelos sendo valores elevados e similar ao valor de $0,98 \pm 0,003$ encontrados por Cardoso et al. (2007a), e de $0,77 \pm 0,01$ para MHNR1 e $0,66 \pm 0,02$ para MHNR2 em bovinos da raça Angus considerando VE heterogênea (Cardoso et al., 2007b). Para os modelos avaliados com base no DIC os resultados foram, respectivamente, MHNR1HM (566.363), MHNR1HT (571.010), MHNR2HM (572.350), MHNR2HT (577.995) e MA (582.803) indicando que o modelo de uma única análise proporciona um ajuste de melhor qualidade aos registros de GPD345 dos bovinos Hereford e dentro de modelos o que apresentou melhor ajuste foi o homocedástico em relação ao heterocedástico demonstrando que os modelos mais simples foram os de melhor ajuste.

Conclusões

A interação genótipo x ambiente está presente no ganho de peso pós-desmama em bovinos da raça Hereford.

O melhor modelo que ajusta os dados de ganho de peso pós-desmama na raça Hereford é o de uma única análise e que considera homogeneidade residual.

Literatura Citada

- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005.
- CARDOSO, F.F.; BRACCINI NETO, J.; CAMPOS, L.T.; COBUCCI, J. A.; CARDOSO, L.L.; BIASSUS, I.O. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Hereford via normas de reação. In: REUNION LATINOAMERICANA DE PRODUCCION ANIMAL (ALPA), XXX REUNION ANUAL DE LA ASOCIACION PERUANA DE PRODUCCION ANIMAL (APPA), V CONGRESO INTERNACIONAL DE GANADERIA DE DOBLE PROPOSITO, 20. 2007, Cusco. **Anais...**, Cusco, 2007a. v.1.
- 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, 2007b.
- CARDOSO, F.F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN** – Versão 1.01 em estudos de genética quantitativa animal, 2004.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Sect. A, Animal Science**, v.52, p.11–24, 2002.
- SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal of Animal Science**, v.84, p.1651- 1657, 2006.