

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Avaliação da interação genótipo-ambiente em codornas de corte EV1 utilizando modelos de regressão aleatória considerando heterogeneidade de variância residual

Vivian Paula Silva Felipe¹, Raphael Rocha Wenceslau¹, Bruno Dourado Valente¹, Luciana Salles de Freitas¹, Glaucyana Gouvêa dos Santos¹, Martinho de Almeida e Silva²

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFMG/Belo Horizonte. Bolsista do CNPq. e-mail: vivianfelipe@hotmail.com

²Departamento de Zootecnia – Universidade Federal de Minas Gerais/Belo Horizonte. Bolsista CNPq.

Resumo: Avaliou-se a presença de interação genótipo-ambiente em codornas de corte EV1 alimentadas com dietas contendo diferentes níveis de proteína bruta (PB) por meio de modelo de regressão aleatória assumindo homogeneidade e heterogeneidade de variância residual. Dados compostos de 2912 pesagens realizadas nos 21^o e 35^o dias de idade foram utilizados em análise com modelo animal unicaracterístico. Modelos que consideraram heterogeneidade de variância do resíduo apresentaram melhor ajuste em razão do menor valor de BIC (Bayesian information criterion). As correlações genéticas dos pesos às idades de avaliação nos diferentes ambientes nutricionais mostram a existência de interação genótipo-ambiente entre níveis extremos de PB: 24% e 28% (ao 35^o dia de idade) e 24% e 30% (ao 21^o e 35^o dia de idade). As correlações entre os níveis 26, 28 e 30% não evidenciaram interação GxE, portanto a avaliação realizada em qualquer um destes níveis não causaria mudança no ordenamento das codornas pelo valor genético.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, programa de seleção

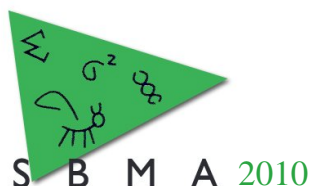
Evaluation of genotype by environment interaction on EV1 meat type quails strain using random regression models under the assumption of residual heterogeneity variance

Abstract: The genotype by environment interaction for EV1 meat type quails fed diets with different crude protein level was evaluated by random regression models under residual variance homogeneity and heterogeneity assumptions. A total of 2,912 progeny weights recorded at 21st and 35th days of age were used in a one-trait animal model analyses. Models under residual heterogeneity of variance assumption showed higher goodness of fit by the Bayesian information criterion. The genetic correlation of weights at the evaluation ages between the different nutritional levels suggested significant genotype by environment interaction for the extreme levels of crude protein, 24 and 28% (at 35th day of age) and 24 and 30% (at 21st and 35th days of live). The magnitude of the genetic correlation between the crude protein levels, 26, 28 and 35% did not show significant genotype by environment interaction, suggesting that evaluation conducted in any of these crude protein levels will not change in the ranking of the breeding values.

Keywords: breeding program, genetic correlation, genetic evaluation

Introdução

A proteína é o componente mais caro utilizado na formulação de dietas para codornas de corte, portanto tem grande impacto sobre o custo de programas de seleção. Pode-se diminuir este custo pela utilização de dietas com níveis mais baixos de PB para codornas de corte dentro do programa de seleção do que o adotado para codornas destinadas à produção comercial. As diferenças na sensibilidade dos indivíduos às mudanças de ambiente resultam na interação genótipo-ambiente (GXE) (Falconer & Mackay, 1996). Desta maneira, se existe (GXE) para determinada característica, a diferença entre fenótipos de dois genótipos pode não ser a mesma em dois ambientes diferentes. Sendo assim, progênie de codornas de corte avaliada em dietas com determinado nível de PB não teriam o mesmo desempenho em relação à média da população se alimentados com dietas contendo nível diferente de PB, podendo ocorrer até mesmo mudança na ordem de classificação dos valores genéticos estimados para diferentes níveis protéicos. Neste caso, a predição do valor genético do animal deve ser feita no nível nutricional semelhante ao que é utilizado em criação comercial. Para avaliação da interação genótipo-ambiente,



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

podem-se utilizar modelos de regressão aleatória, que além da modelagem de características aleatórias utilizando funções polinomiais, permitem que seja considerada a heterogeneidade de variância residual em cada classe da variável ambiental ou mesmo modelar o resíduo por meio de função polinomial. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a existência de interação genótipo-ambiente em codornas de corte EV1 em duas idades (21° e 35° dia de idade) alimentadas com dietas contendo diferentes níveis de proteína bruta por meio de modelos de regressão aleatória considerando a heterogeneidade de variância residual entre classes a fim de comparar as correlações genéticas do peso das aves entre níveis de proteína bruta testados.

Material e Métodos

Progênes de 100 reprodutores e 200 reprodutrizas da linhagem EV1 alimentadas com dietas contendo 24, 26, 28 e 30% de proteína bruta e 2900kcal de energia metabolizável foram avaliadas. Os dados foram constituídos de 2912 pesagens registradas de codornas de corte da linhagem EV1 nos 21° e 35° dias de idade. As análises foram realizadas sob modelo animal unicaracterístico por meio de modelo de regressão aleatória. O mesmo modelo de avaliação foi utilizado nos arquivos referentes às idades de avaliação e foi definido como:

$$y_{hij} = \sum_{k=0}^1 b_{jk} \phi_k(p_i) + \sum_{k=0}^1 a_{hk} \phi_k(p_i) + e_{hij}, \text{ em que:}$$

y_{hij} é a observação do animal h , do sexo j , alimentado com dieta de nível protéico i ; b_{jk} é o coeficiente regressão fixo do polinômio de Legendre k atribuído ao sexo j aninhado ao nível protéico; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k de efeito genético aditivo direto atribuído ao animal h ; $\phi_k(p_i)$ é o polinômio de Legendre k atribuído ao nível protéico i , e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} .

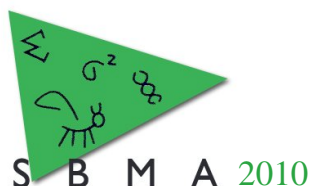
A comparação de modelos que consideravam a variância residual homogênea e heterogênea foi feita pelo critério de informação bayesiano (BIC), para cada arquivo formado. Considerou-se a existência de heterogeneidade de variância residual por divisão dos níveis da variável controle (nível de proteína bruta da dieta) em quatro classes de resíduo (24 a 25% de PB, 26 a 27% de PB, 28 a 29% de PB, 30 a 31% de PB) em todas as análises. Assumindo-se que:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad G = \begin{bmatrix} \sigma_{b_0}^2 & \sigma_{b_0 b_1} \\ \sigma_{b_0 b_1} & \sigma_{b_1}^2 \end{bmatrix} \quad V(y) = Z(A \otimes G)Z' + R$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}, \text{ onde } R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{e_3}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_4}^2 \end{bmatrix} e,$$

$\sigma_{b_0}^2$ e $\sigma_{b_1}^2$ são os componentes de variância dos coeficientes de regressão do polinômio de Legendre relacionados ao intercepto e à inclinação da reta atribuída ao efeito genético aditivo direto, respectivamente, $\sigma_{b_0 b_1}$ é o componente de covariância entre estes coeficientes, R é a componente de variância residual heterogênea dividido em quatro classes e A é a matriz de numeradores dos coeficientes de Wright. No modelo que considera homocedasticidade residual $R = I\sigma_e^2$.

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por meio do programa Wombat (2006) que utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva em função dos níveis de proteína bruta da dieta e classe residual. O critério de convergência adotado, definido pelo valor do quadrado das diferenças entre estimativas, foi 1×10^{-10} .



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Resultados e Discussão

Todos os modelos que consideraram a heterogeneidade de variância residual comparados para os quatro bancos de dados se mostraram melhores do que aqueles que consideraram a variância do resíduo homogênea dado pelo menor valor de BIC (*Bayesian information criterion*). Outros autores também verificaram a necessidade de se considerar a heterogeneidade de variância residual em modelos para curva de crescimento e produção de leite no dia do controle em razão do efeito de escala das medidas repetidas em diferentes épocas da vida do animal como também no estudo da interação genótipo-ambiente. Comparando-se as correlações genéticas entre os pesos nos diversos ambientes nutricionais nota-se que, ao se considerar apenas uma classe de resíduo, os valores de correlação tendem a ser mais altos (Tabela 1, acima da diagonal) que no modelo com quatro classes de resíduo (abaixo da diagonal), portanto, neste caso, no primeiro modelo seria desconsiderada a interação genótipo-ambiente detectada pelo segundo modelo entre os níveis extremos de proteína bruta 24% e 28% (ao 35° dia de idade) e 24% e 30% (ao 21° e 35° dia de idade) dado pelo valor de correlação genética menor que 0,80 (Robertson, 1959). Isto mostra que para codornas de corte do grupo genético EV1 haverá mudança no ordenamento do valor genético, segundo o nível de proteína bruta da dieta. Também vale ressaltar que não houve interação genótipo-ambiente entre os níveis mais altos de proteína bruta avaliados (26, 28 e 30%) dado pela alta correlação genética entre estes ambientes, mostrando que a avaliação genética, em qualquer um destes níveis apresentaria o mesmo ordenamento para peso das aves. Portanto, para redução dos custos do programa de melhoramento, dietas contendo 26% de proteína bruta poderiam ser adotadas mesmo que comercialmente as aves sejam criadas em sistemas que adotem dietas com teor de 28 e 30% de proteína bruta.

Tabela 1. Estimativas das correlações genéticas entre os pesos nos diferentes níveis de proteína bruta considerando homogeneidade de variância residual (acima da diagonal) e heterogeneidade de variância residual (abaixo da diagonal)

21° dia de idade				
Nível de PB	24	26	28	30
24	-	0,999	0,996	0,992
26	0,935	-	0,999	0,996
28	0,817	0,968	-	0,999
30	0,710	0,913	0,986	-
35° dia de idade				
Nível de PB	24	26	28	30
24	-	0,978	0,918	0,837
26	0,930	-	0,981	0,933
28	0,779	0,955	-	0,985
30	0,631	0,872	0,978	-

Conclusões

A presença de interação genótipo-ambiente entre os níveis extremos de proteína bruta (24 e 28% e 24-30%) indica que o ordenamento das aves pelo valor genético nestes ambientes não será o mesmo, o que compromete a qualidade da linhagem desenvolvida. Entretanto as correlações entre os níveis 26, 28 e 30% de PB não indicam presença de GxE, mostrando que a avaliação genética em qualquer um destes ambientes nutricionais não afetaria a seleção das aves pelo peso vivo ao 21° ou 35° dias de idade.

Literatura citada

- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 453p.
- MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM
- ROBERTSON, A.. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485, 1959.