

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Estudo da sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte à mudança do nível de proteína bruta da dieta utilizando normas de reação

Vivian Paula Silva Felipe¹, Raphael Rocha Wenceslau¹, Bruno Dourado Valente¹, Luciana Salles de Freitas¹, Glaucyana Gouvêa dos Santos¹, Gerusa da Silva Salles Corrêa³, 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.

³ Departamento de Zootecnia – UFMT/Cuiabá.

Resumo: Estudou-se a sensibilidade dos valores genéticos de peso de codornas de corte EV2 alimentadas com dietas contendo diferentes níveis de proteína bruta ao 21º e 35º dias de idade utilizando modelos de regressão aleatória. Modelos que consideraram heterogeneidade de variância residual se mostraram melhores que modelos com variância residual homogênea pelo menor valor de BIC (Bayesian information criterion). Os coeficientes de regressão aleatória do intercepto (b_0) e linear (b_1) apresentaram correlação positiva alta nas duas análises. Mudanças no nível de proteína bruta da dieta causaram heterogeneidade de variância genética aditiva e residual e, por conseqüência, mudanças no valor de herdabilidade em ambas as idades. Portanto programas de seleção de codornas de corte desta linhagem devem adotar dietas com o mesmo nível protéico utilizado em nas aves de criação comercial.

Palavras-chave: heterogeneidade de variância, interação genótipo-ambiente, regressão aleatória

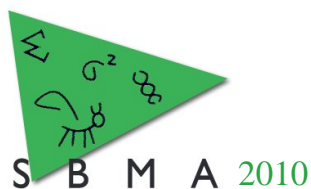
Sensitivity of genetic values study of meat type quails to changes in crude protein levels diet using reaction norms

Abstract: The sensitivity of genetic values for body weight of EV2 meat type quail strain fed diets containing different crude protein levels were evaluated at 21 and 35 days of age using random regression models. Model under residual variance heterogeneity showed better good of fit than model that disregarded the heterogeneity of residual variance by BIC test (Bayesian information criterion). The random regression coefficients for intercept (b_0) and linear regression coefficient (b_1) were highly positively correlated in all the analyses. The changes in crude protein diet resulted in additive genetic and residual variance heterogeneity for both ages and consequently changes in the estimated heritabilities. Therefore selection program for EV2 strain should be based on predicted breeding values for breeder fed diet with the same crude protein content used for commercially birds.

Keywords: genotype by environment interaction, random regression model, variance heterogeneity

Introdução

As diferenças na sensibilidade dos indivíduos às mudanças de ambiente resultam na interação genótipo-ambiente (GXE) (Falconer & Mackay, 1996). O estudo dessas diferenças na sensibilidade dos valores genéticos pode ser feito utilizando normas de reação que é conceitualmente definida como a mudança sistemática na expressão média de uma característica fenotípica que ocorre em resposta à mudança sistemática de uma variável ambiental, isto é, o fenótipo expresso a partir de um genótipo é função do ambiente. Para a predição da mesma são utilizadas funções de covariância (FC) (Kirkpatrick et al., 1990) que modelam as características longitudinais que se modificam ao longo de um gradiente ambiental com a utilização de modelos de regressão aleatória. Além da modelagem de características aleatórias utilizando funções polinomiais, os modelos de regressão aleatória e FC permitem que seja considerada a heterogeneidade de variância residual em cada classe 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 EV2 em duas idades (21º e 35º 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 saber a possibilidade de adoção de dietas de menor custo em programas de seleção desta linhagem.



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Material e Métodos

As informações utilizadas neste estudo foram provenientes do Setor de Coturnicultura da Escola de Veterinária da UFMG localizado em Igarapé - MG. Progenies de 100 reprodutores e 200 reprodutrices da linhagem EV2 foram alimentadas com dietas contendo 24, 26, 28 e 30% de proteína bruta e 2900kcal de energia metabolizável. Os dados foram constituídos de 2344 pesagens registradas de codornas de corte EV2 nos 21° e 35° dia de idade. Foram retirados registros de aves sem identificação de sexo ou com peso vivo abaixo ou acima de três desvios-padrão em relação à média. As análises foram realizadas sob modelo animal unicaracterístico por meio de Regressão Aleatória. A regressão fixa para peso médio dentro de sexo assim como as regressões aleatórias genético-aditivas do animal foram modeladas utilizando-se polinômios ortogonais de Legendre. 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. A comparação de modelos que consideravam a variância residual homogênea e heterogênea foi feita pelo critério de informação bayesiano (BIC) para cada arquivo formado. 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 e a herdabilidade direta 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} .

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*). Portanto, para a avaliação da interação genótipo-ambiente foi adotado modelo que considerou a variância residual dividida em quatro classes de proteína bruta, sendo elas: 24 a 25%, 26 a 27%, 28 a 29% e 30 a 31% de PB. De maneira geral, a variância estimada para o coeficiente de regressão aleatória do intercepto (b_0) é maior do que a estimada para o coeficiente de regressão aleatória linear (b_1) (Tabela 1). Estes coeficientes apresentaram correlação positiva em todas as duas análises em diferentes graus: 0,92 (21 dias de idade) e 0,98 (35 dias de idade). Isto indica que quanto maior o valor do intercepto (valor genético dado como desvio no ambiente nutricional 27% de PB) maior será a inclinação na reta que descreve a sensibilidade das aves à mudança de ambiente e a maior distância da correlação igual a 1 entre os coeficientes leva ao re-ordenamento dos animais nos diferentes ambientes (Su et al.,2006).

Tabela 1. Componentes de variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0) e linear (b_1) do efeito genético aditivo direto em função dos níveis protéicos e componentes de variâncias residuais para cada classe estimados no 21° e 35° dia de idade

	Idade							
	21				35			
	b_0		b_1		b_0		b_1	
b_0	99,084		17,799		294,71		41,234	
b_1			7,8899				25,913	
Residual	CL1	CL2	CL3	CL4	CL1	CL2	CL3	CL4
	177,82	353,69	210,20	60,628	264,73	375,32	279,68	135,46

A estrutura de covariância genética aditiva direta (Figura 1a e 1d) apresenta inclinação em direção aos maiores valores de proteína bruta considerados indicando presença de maior variação nos níveis de PB mais altos testados, além disso, verifica-se também maior covariância entre os maiores níveis de proteína bruta dado pela maior inclinação da superfície em direção aos eixos x e y. A forma da superfície de representação da estrutura de (co)variância apresentou-se semelhante nas diferentes idades, desconsiderando-se a questão da escala. Houve mudança no valor de herdabilidade (Figura 1b e 1e) nas

duas idades com a mudança no nível de proteína bruta, e em razão da utilização de modelo que considera classes residuais, é possível identificar visualmente a divisão das mesmas pela “quebra” no gráfico. Considerando os valores de herdabilidade dentro de cada intervalo de classe de resíduo, a linha de tendência de descrição deste parâmetro é crescente, isto é, aumenta gradualmente, em maior ou menor escala dependendo do grau de inclinação da estrutura de (co)variância já apresentada, com o aumento do nível protéico. O valor da herdabilidade tendeu a ser mais alto no 35º dia de idade do que no 21º dia de idade considerando-se as diferentes classes residuais. Portanto, a utilização do valor genético ao 35º dia de idade no critério de seleção é mais indicada com base na maior intensidade de resposta à seleção em relação à variância fenotípica. Também foram traçadas as normas de reação de 25 codornas amostradas aleatoriamente (Figura 1c e 1f), estas apresentam apenas aumento na dispersão dos valores genéticos com o aumento do gradiente protéico da dieta, caracterizando, portanto, a presença de interação genótipo-ambiente.

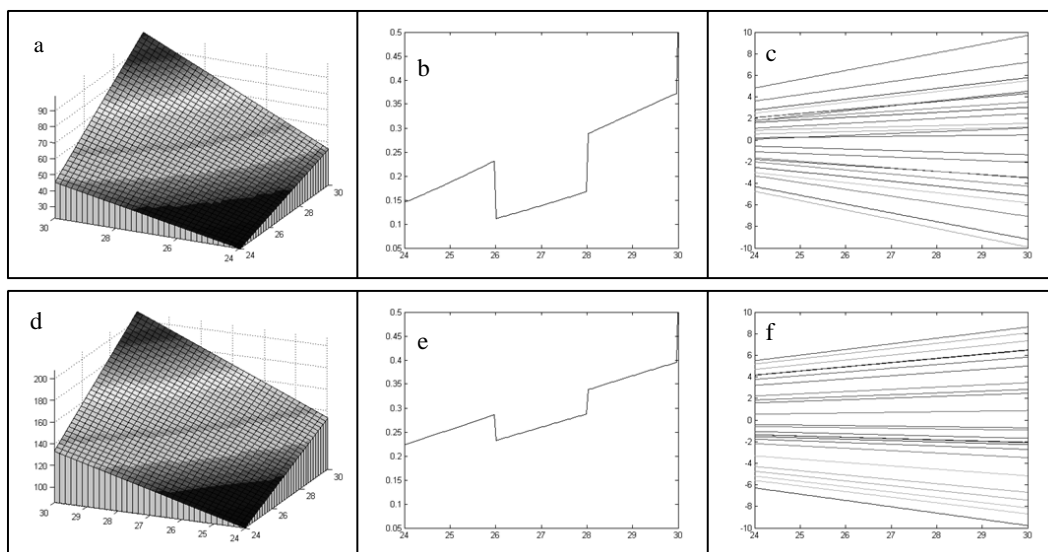


Figura 1. Estrutura de covariância genética aditiva (gr^2), herdabilidades e normas de reação de codornas de corte EV2 ao 21º (a, b e c, respectivamente) e 35º (d, e e f, respectivamente) dias de idade.

Conclusões

Para estudo da interação genótipo- ambiente a presença de heterogeneidade de variância residual deve ser considerada no modelo caso seja verificada a sua existência. Houve interação valor genético x nível de PB da dieta nas duas idades de avaliação (21º e 35º dia de idade) por aumento na dispersão da variância dos valores genéticos. Portanto, a predição dos valores genéticos deve ser feita no ambiente em que as aves serão criadas comercialmente.

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
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M.; Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.
- SU, G.; MADSEN P.; LUND M. S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **J. Anim. Sci.**, v.84, p.1651-1657, 2006.