

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Heterogeneidade genética e ambiental sobre a variância residual do ganho de peso do nascimento à desmama de bovinos da raça Nelore¹

Haroldo Henrique de Rezende Neves², Roberto Carneiro³, Sandra Aidar de Queiroz⁴

¹Parte da dissertação de mestrado do primeiro autor, financiada pela FAPESP

²Doutorando em Genética e Melhoramento Animal – FCAV - Unesp/Jaboticabal. e-mail: haroldozoo@hotmail.com

³GenSys Consultores Associados S/C Ltda. e-mail: r.carvalho@gensys.com.br

⁴Departamento de Zootecnia – FCAV- Unesp/Jaboticabal. Bolsista do CNPq. e-mail: saquei@fcav.unesp.br

Resumo: Este estudo foi desenvolvido a fim de investigar a influência de efeitos ambientais e genéticos sobre a variância residual do ganho de peso do nascimento à desmama (GND) de bovinos Nelore, por meio de uma abordagem em dois passos. No primeiro passo foram obtidas soluções para diferentes efeitos considerados sobre a média de GND, permitindo a predição dos resíduos ($\hat{\epsilon}$) associados a cada observação. No segundo passo, utilizaram-se dados do logaritmo natural de $(\hat{\epsilon})^2$ para investigar a influência de efeitos genéticos e ambientais sobre a variância residual de GND sob cinco modelos. Houve evidências de efeitos aditivos e ambientais influenciando simultaneamente a variância residual de GND, bem como de que a seleção para menor variância residual implicaria em alguma redução na resposta sobre a média desta característica. Resposta à seleção para uniformidade de GND poderia ser esperada no caso de seleção para menor variância residual, sobretudo no caso de seleção intensa e consideração de famílias de touro de grande tamanho.

Palavras-chave: heterocedasticidade, resposta correlacionada, seleção, uniformidade

Genetic and environmental heterogeneity on residual variance of weight gain from birth to weaning in Nelore beef cattle

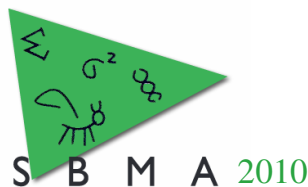
Abstract: This study was carried out to investigate the influence of environmental and genetic effects on residual variance of weight gain from birth to weaning (GND) in Nelore beef cattle, by using a two-step approach. In first step solutions for fixed and random effects on mean of GND were obtained and the residual ($\hat{\epsilon}$) of each observation was computed. Second step consisted in analyzing log squared residuals associated with each observation according different models in order to evaluate the strength of additive and environmental effects on residual variance of GND. There was evidence of genetic additive and environmental effects on residual variance of GND and that selecting for lower residual variance would lead to lower response on the mean of this trait. Uniformity of GND could be improved by selecting for lower residual variance, especially when using large amount of information to predict genetic merit for this criterion and under high selection intensity.

Keywords: correlated response, heteroscedasticity, selection, uniformity

Introdução

A existência de heterogeneidade genética sobre a variância residual (VE) tem sido relatada para características de importância econômica em diversas espécies animais (Mulder et al., 2007). Este fenômeno poderia ser explorado para obter maior uniformidade de produção por meio da seleção para menor variância residual, porém, no caso de bovinos de corte, há escassa informação sobre esta questão.

Modelos estruturais têm sido implementados num único passo para este tipo de estudo, porém sua adoção pode ser dificultada por questão de complexidade computacional e problemas de estimabilidade. Frente a isso, abordagens em dois passos tem sido empregadas como alternativa para investigar a influência de efeitos genéticos e ambientais sobre VE (Garreau et al., 2008; Mulder et al., 2009). Este estudo foi desenvolvido a fim de investigar influência de efeitos ambientais e genéticos sobre a variância residual do ganho de peso do nascimento à desmama (GND) em uma população de bovinos da raça Nelore.



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

Utilizaram-se dados da base Aliança Nelore, compreendendo informações de desempenho de 325.432 animais, provenientes de 382 rebanhos. Os dados de GND foram pré-ajustados para os efeitos fixos de idade do animal (padrão de 205 dias), idade da vaca ao parto (padrão de 7 anos) e data juliana média dentro da estação de nascimento, sendo as observações resultantes referidas como GND_a . As análises foram conduzidas segundo abordagem em dois passos similar à implementada por Garreau et al. (2008), em que assume-se o logaritmo natural do quadrado do resíduo de cada observação como estimador da variância residual.

No primeiro passo, o seguinte modelo animal foi empregado para estimação de componentes de variância (VC) sobre a média de GND, aplicando-se o *software* MTDREML (Boldman et al., 1995):

$$GND_a = XGC + Z_1ad + Z_2am + Z_3ap + e \quad (\text{Modelo 1}),$$

considerando o efeito fixo de grupo de contemporâneos (GC) e os efeitos aleatórios aditivo direto (ad), aditivo materno (am), de ambiente permanente (ap) e residual (e), sendo X, Z1, Z2 e Z3 as respectivas matrizes de incidência de cada efeito sobre GND.

No segundo passo, as soluções para efeitos fixos e aleatórios no Modelo 1 foram utilizadas para obter o resíduo predito (\hat{e}) e a quantidade $\ln((\hat{e})^2)$ correspondentes a cada observação. As observações de $\ln((\hat{e})^2)$ foram analisadas sob diferentes modelos considerando efeitos de GC e/ou aditivos sobre a variância residual (Tabela 1), de modo a se obterem estimativas REML para os componentes de variância, bem como previsões do valor genético dos touros para VE (A_v). Para verificar o ajuste dos modelos aos dados, modelos não aninhados foram comparados entre si com base no critério de Akaike (AIC) e os demais modelos com base em testes de razão de verossimilhança (LRT). Estimativas de variância aditiva sobre a variância residual ($\sigma^2_{A_v}$) no segundo passo foram transformadas para a escala da variância, como proposto por Mulder et al. (2007). A herdabilidade da variância residual (h^2_v) e a medida *evolvability* (Ev), foram calculados conforme Mulder et al. (2007) e estão associados a acurácia de predição de A_v e à oportunidade de resposta à seleção, respectivamente. A correlação de Spearman entre A_v e o valor genético predito para a média de GND no primeiro passo foi calculada a fim de fornecer um indicativo da associação genética entre estes dois critérios, sendo referida posteriormente como r_{MV} .

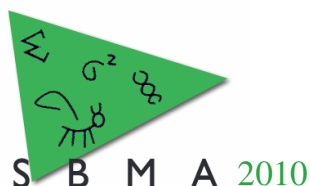
Resultados e Discussão

Os valores obtidos para os parâmetros genéticos no primeiro passo das análises foram de magnitude próxima daqueles relatados para características similares na raça Nelore (dados não apresentados). Após a remoção de observações consideradas discrepantes, os dados de $\ln((\hat{e})^2)$ efetivamente usados no segundo passo das análises apresentaram média igual a 3,916 e desvio-padrão (SD) igual a 2,055, obtendo-se estes valores ao considerarem-se 321.139 observações de GND_a .

Com base no critério AIC verificou-se que o modelo animal foi superior ao modelo touro no segundo passo das análises, incluindo ou não efeito de GC (Tabela 1). A consideração de efeitos aditivos sobre a variância residual implicou em melhor ajuste e aumento significativo na função de verossimilhança, comparando com o modelo LNE1, evidenciando ação simultânea de efeitos aditivos e ambientais sobre a variância residual da característica estudada (Tabela 1).

Comparando-se os modelos considerando apenas efeitos aditivos sobre a variância residual (LNE3 e LNE2) com os modelos LNE5 e LNE4, percebe-se que a não consideração de efeitos ambientais sobre VE implicou em superestimação de $\sigma^2_{A_v}$ e consequentemente de Ev e h^2_v , o que fica claramente evidenciado no caso de valores de *evolvability* superiores a 100% (Tabela 1).

Considerando os parâmetros estimados sob os modelos que melhor se ajustaram aos dados (i.e. LNE5 e LNE4), verificaram-se estimativas de Ev inferiores ao relatado por Mulder et al. (2007) em estudo de revisão e por Wolc et al. (2009). As estimativas de h^2_v também foram de baixa magnitude, o que implicaria na necessidade de famílias de tamanho considerável para a predição acurada de A_v . Dados os maiores valores de Ev e h^2_v sob LNE5, espera-se que o uso de um modelo animal permita a obtenção de maior resposta a seleção do que o de um modelo touro. Por exemplo, considerando-se os valores de Ev e acurácia obtidos sob LNE5 e uma situação de seleção dos 20% melhores touros para menor VE, seria esperada uma redução de 6,50% e 8,75% na variância residual de GND após uma geração de seleção, no caso de famílias de touro com 100 e 200 filhos, respectivamente.



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Tabela 1 Estatísticas referentes a ajuste aos dados e parâmetros genéticos para a variância residual (VE) do ganho de peso do nascimento à desmama (GND) de bovinos da raça Nelore, obtidos sob cinco modelos

Modelo	AIC	LRT	σ^2_{Av}	Ev(%)	h ² v	Ac1	Ac2
LNE1	765.504	-	-	-	-	-	-
LNE2	780.677	-	95.173	152,28%	0,1176	0,867	0,926
LNE3	780.139	-	91.489	149,30%	0,1146	0,864	0,925
LNE4	765.490	17*	1.027	15,82%	0,0019	0,216	0,298
LNE5	765.466	40*	2.956	26,84%	0,0055	0,349	0,466

LNE1- modelo considerando apenas efeito ambiental de grupo de contemporâneos (gc) sobre VE

LNE2- modelo touro considerando apenas efeito aditivo sobre VE

LNE3- modelo animal considerando apenas efeito aditivo sobre VE

LNE4- modelo touro considerando efeito aditivo e ambiental (gc) sobre VE

LNE5- modelo animal considerando efeito aditivo e ambiental (gc) sobre VE

σ^2_{Av} = variância aditiva sobre VE. Ev = *evolvability*. h²v = herdabilidade da variância residual.

Ac1 e Ac2 = acurácias esperadas de predição para touros com 100 e 200 filhos, respectivamente.

AIC=Critério de Informação de Akaike. LRT= teste de razão de verossimilhança. *P<0,001.

No caso de LNE4 e LNE5, estimaram-se valores positivos e de baixa magnitude para a correlação entre os valores genéticos para a média e para a variância residual de GND (r_{MV} , dados não apresentados), implicando em que a obtenção de alguma redução na variância residual desta característica por meio de seleção leve a uma menor resposta sobre a sua média. Apesar da baixa magnitude, estes resultados destoam das correlações baixas e negativas estimadas por Mulder et al. (2009) e de Wolc et al. (2009) para dados de peso corporal em frangos de corte. Futuros estudos poderiam ser conduzidos para a investigar melhor este tipo de associação e mesmo para estudar a influência de efeitos genéticos e ambientais sobre as variâncias residuais de múltiplas características, inclusive permitindo avaliar como diferentes critérios de seleção (i.e. média e uniformidade destas características) estariam correlacionados.

Conclusões

Há evidências de efeitos aditivos e ambientais influenciando simultaneamente a variância residual de GND, bem como de que a seleção para menor variância residual implicaria em alguma redução na resposta sobre a média desta característica. Seria esperada resposta à seleção para uniformidade de GND no caso de seleção para menor variância residual, sobretudo sob seleção intensa e consideração de informação de famílias de touro de grande tamanho.

Literatura citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L. D. et al. 1995. A manual for use for MTDFREML: a set of programs to obtain of variance and covariances. Lincoln: Department of Agriculture /ARS. 120p.
- GARREAU, H.; BOLET, G.; LARZUL, C. et al. Results of four generations of a canalizing selection for rabbit birth weight. **Livestock Science**, v. 119, pp. 55-62, 2008.
- MULDER, H. A., HILL, W. G.; VEREIJKEN, A. et al. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. **Animal**, v. 3, pp. 1673-1680, 2009.
- MULDER, H. A.; BIJMA, P.; HILL, W. G. Prediction of breeding values and selection responses with genetic heterogeneity of environmental variance. **Genetics**, v.175, pp. 1895-1910, 2007.
- WOLC, A. WHITE, I. M. S.; AVENDANO, S. et al. Genetic variability in residual variation of body weight and conformation scores in broiler chickens. **Poultry Science**, n.88, pp. 1156-1161, 2009.