

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Interação genótipo-ambiente para perímetro escrotal de machos da raça Nelore utilizando normas de reação

Marcos Vinicius Antunes de Lemos¹, Rafael Espigolan¹, Guilherme Costa Venturini², Lucia Galvão de Albuquerque³, Henrique Nunes de Oliveira³, Fernando Baldi⁴

¹Aluno do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal. e-mail: marcoslemozootec@gmail.com

²Pós-Doutorando em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal

³Departamento de Zootecnia/FCAV – UNESP/Jaboticabal.

⁴Professor Doutor/FCAV - UNESP. fernandobaldiuy@gmail.com

Resumo: O objetivo do presente estudo teve como objetivo verificar a interação genótipo-ambiente (IGA) para perímetro escrotal em machos da raça Nelore utilizando normas de reação. Foi utilizado um modelo de regressão aleatória, que teve como regressor a média de ganho em peso pós-desmama dos animais, com variâncias residuais homogêneas e heterogêneas. Por meio do critério de informação BIC, pode-se selecionar o modelo mais adequado o qual apresenta homogeneidade de variâncias para o resíduo. À medida que o grupo ambiental se tornou mais favorável as estimativas de herdabilidade, aumentaram, variando de 0,32 a 0,50. Do mesmo modo, as estimativas de correlações genéticas variaram de 0,75 e 1,0 conforme o ambiente. Com isso pode-se concluir que o efeito de IGA foi considerado de baixa magnitude para perímetro escrotal, e espera-se que em um ambiente mais favorável ou com menor restrição ambiental a resposta à seleção para diminuir PE seja maior.

Palavras-chave: grupos ambientais, normas de reação, perímetro escrotal

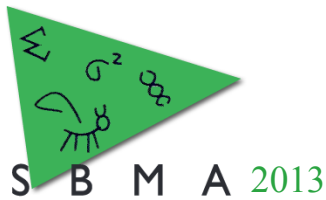
Genotype by environment interaction for age at first calving in Nelore Cattle using reactions norm

Abstract: The aim of this study was to detect the presence or absence of genotype-environment interaction (GEI) for age at scrotal circumference (SC) in Nelore males. A random regression model was applied, using the post weaning average weight gain of males as regressor, with homogeneous and heterogeneous residual variances. The BIC criterion indicated a model homogeneous classes of residual variances as the most appropriate to model the data. The heritability estimates for SC varied according to the environment, ranging from 0.32 to 0.50, and it were higher as the environmental gradient became more favorable. The genetic correlation estimates varied from 0.75 to 1.0. Thus, the effect of GEI was considered low magnitude for scrotal circumference, and it is expected that in a more or less favorable environmental restrictions for the selection response is greater decrease SC.

Keywords: environmental groups, reaction norms, age at first calving

Introdução

O perímetro escrotal é uma medida bastante utilizada para os programas de melhoramento genético devido ser uma característica de fácil mensuração, altamente herdável e correlacionada de forma favorável com características de crescimento e de reprodução das fêmeas. Porém, nas avaliações genéticas realizadas para esta e demais características, a pressuposição comumente assumida é que exista ausência de interação genótipo-ambiente, ou seja, as variâncias residuais e genéticas são consideradas constantes para todos os rebanhos participantes. Porém, estudos como de Pégolo et al. (2009) e Espasandin et al. (2011) indicaram a existência de interação genótipo-ambiente para várias características de importância econômica, como por exemplo os pesos em diferentes idades para várias raças bovinas. Neste sentido, o objetivo deste estudo foi verificar a interação genótipo-ambiente para perímetro escrotal de machos da raça Nelore utilizando normas de reação.



Material e Métodos

Foram utilizados dados de perímetro escrotal (PE) de 31.370 machos da raça Nelore pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Conexão Delta G. O grupo ambiental (GA) foi definido conforme a informação de ano e fazenda de nascimento dos animais. O ganho de peso pós-desmama de cada grupo ambiental foi utilizado como medida de gradiente ambiental, ou seja, grupos ambientais com maior média de ganho de peso pós-desmama foram considerados ambientes mais favoráveis (menos restritivos). Os GA foram padronizados para a média de ganho de peso pós-desmama, sendo que grupos ambientais acima de +2,5 foram considerados GA=+2,5 e grupos ambientais abaixo de -2,5 foram considerados GA=-2,5. Os GA padronizados foram submetidos a um processo iterativo conforme descrito por Calus et al. (2004). Este processo de iteração foi interrompido quando a correlação entre as posições dos GA em duas análises consecutivas for maior a 0,999. Nas análises de normas de reação, foram utilizados polinômios lineares de Legendre regredidos sobre os GA para modelar o efeito genético aditivo. Polinômios lineares de Legendre também foram utilizados para modelar o efeito fixo da tendência média da população. O modelo incluiu o efeito genético aditivo direto como aleatório e, o grupo de contemporâneos (GC) como efeitos fixos. O GC foi formado por fazenda (ao nascimento e ao sobreano) e grupo de manejo (ao nascimento, a desmama e ao sobreano). Observações para PE fora do intervalo dado pela média dos grupos de contemporâneos $\pm 3,5$ desvios-padrão foram excluídos. Os GC com menos de cinco observações não foram considerados na análise. A variância residual foi modelada em classes, homogênea e heterogênea com cinco, quatro e três classes. As funções de (co)variância foram estimadas utilizando o programa Wombat (Meyer, 2006). A escolha do modelo mais adequado foi realizada com base nos critérios de Log L e Bayesiano de Schwarz (BIC). A sugestão de Robertson (1959) foi seguida para avaliar o efeito de IGA. A matriz de parentesco foi composta por 92.137 animais no pedigree total.

Resultados e Discussão

Os critérios de informação de BIC indicaram que o modelo assumindo homogeneidade de variância para o resíduo (MNRH) foi o mais adequado para modelar os componentes de (co)variância para PE nos diferentes GA (Tabela 1). As estimativas de variância genética aditiva e fenotípica, assim como as estimativas de herdabilidade para PE, de modo geral, aumentaram na medida em que a condição ambiental foi mais favorável (Figura 1). Neste sentido, Carvalho (2007) relatou um comportamento semelhante para as estimativas de herdabilidade PE e peso ao sobreano, em animais da raça Canchim.

Tabela 1 - Modelos de regressão aleatória comparados de acordo com os critérios logaritmo da função de verossimilhança (Log L) e critério Bayesiano de Schwarz (BIC) para o grupo ambiental GA.

Modelos ¹	p ²	Log L	BIC ²
MNRH	4	-605.26	0
MNRH6	9	-605.25	51,812
MNRH5	8	-605.25	42,248
MNRH4	7	-605.25	31,596
MNRH3	6	-605.26	21,268

¹ MNRH: modelo de regressão aleatória com 1 classe de variância residual; MNRH3, MNRH4, MNRH5, MNRH6: modelo de regressão aleatória com variâncias residuais heterogêneas com 3,4,5 e 6 classes, respectivamente. p²: número de parâmetros. ² Valores de BIC estão expressos como desvio do melhor modelo.

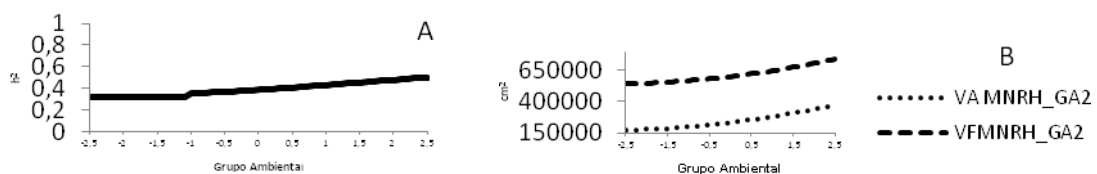


Figura 1 Estimativas de herdabilidade para perímetro escrotal (A) e variâncias genética aditiva (VA) e Fenotípica (VF) (B) em função do grupo ambiental.

As estimativas de correlação genética para PE entre os grupos ambientais apresentam uma superfície de resposta com formato de “sela” (Figura 2), variando entre 0,75 a 1,00. Com base nas estimativas de correlações genéticas entre o PE avaliado em diferentes ambientes, é possível afirmar que existe pouca evidência de interação genótipo-ambiente para a característica estudada (valores abaixo de 0,80 conforme sugerido por Robertson, 1959). Mesmo assim, quando se seleciona animais para maior PE em ambientes mais favoráveis, a resposta correlacionada obtida no PE em ambientes com alto grau de restrição ambiental é maior à resposta direta (selecionando diretamente para PE em ambientes com alta restrição ambiental).

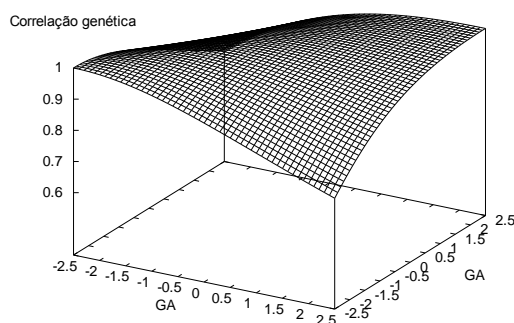


Figura 2 - Estimativa de correlações genéticas para perímetro escrotal entre diferentes grupos ambientais (GA).

Conclusões

O efeito da interação genótipo-ambiente para perímetro escrotal foi considerado de baixa magnitude e espera-se que em um ambiente mais favorável ou com menor restrição ambiental a resposta à seleção para aumentar PE seja maior. Logo, não se torna necessário a inclusão deste efeito nos modelos para avaliação genética para esta característica na raça estudada.

Literatura citada

- CALUS, M.P.L.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R.F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. **Genetics, Selection and Evolution**, v.36, p. 489-507. 2004.
- CARVALHO, F.M. **Estudo de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama na raça Canchim**. Tese de Mestrado. São Carlos: Universidade Federal de São Carlos, 57 p, 2007.
- ESPASANDIN, A.C., URIOSTE, J.I., CAMPOS, L.T. ; Alencar, M.M. . Genotype x country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 568-574, 2011.
- MEYER, K. (2006) “WOMBAT” – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. I n: **Anais... 8th World Congress Genetic Applied to Livestock Production**, Belo Horizonte (Brasil), 13 to 18 of August 2006. CD-ROM.
- PÉGOLO, N.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.2, p.281-287, 2009.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959