

XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

Interação genótipo × ambiente para resistência ao carrapato em bovinos cruzados Nelore × Hereford: uso de um modelo fatorial

Denise Rocha Ayres¹, Lucia Galvão de Albuquerque², Annaiza Braga Bignardi¹, Mario Luiz Santana Junior¹, Vanerlei Mozaquatro Roso³, Rodrigo Junqueira Pereira¹

¹ Curso de Zootecnia – Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Campus Universitário de Rondonópolis/UFMT, Rondonópolis – MT. e-mail: d.ayres@jg.com.br; annaizabb@hotmail.com; 10mario@gmail.com; rodjunper@gmail.com

² Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP. e-mail: lgalb@fcav.unesp.br

³ GenSys Consultores Associados S/S Ltda., Porto Alegre – RS. e-mail: vanerleiros@gensys.com.br

Resumo: Dados de 6.156 bovinos cruzados Nelore x Hereford foram analisados com a finalidade de investigar a variação genética para resistência a carrapato por meio da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para contagem de carrapatos por infestação natural e a possibilidade de interação genótipo x ambiente. Os dados de contagem de carrapatos (CC) foram transformados para $LCC = \log_{10}(CC + 1)$ e agrupados em duas regiões/ambientes (A e B) definidas por análise de agrupamento. Foi realizada uma análise bi-característica e o modelo animal utilizado considerou uma estrutura de análise fatorial para a matriz de covariâncias genético-aditivas com um fator comum. A correlação genético-aditiva entre LCC nos ambientes foi 0,84. A variabilidade genética específica de cada ambiente representou 18,54 e 12,84% da variância genética total de LCC nos ambientes A e B, respectivamente. As variâncias dos componentes genético-aditivos específicos de cada ambiente representaram somente 2,30 e 1,40% das variâncias fenotípicas de LCC nos ambientes A e B, respectivamente. As correlações de *rank* entre os méritos genéticos comum e específico dos animais foram acima de 0,99 para ambos os ambientes. A análise fatorial pode ser utilizada para a investigação de presença de interação genótipo × ambiente. Para a população avaliada não foi observada interação genótipo × ambiente para a característica contagem de carrapatos.

Palavras-chave: análise fatorial, bovinos de corte, *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*

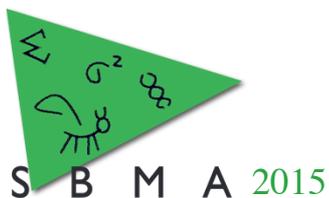
Genotype × environment interaction for resistance to ticks in Nelore × Hereford crossbred cattle: use of a factor-analytic model

Abstract: Data from 6,156 Nelore × Hereford crossbred cattle were analyzed in order to investigate genetic variation for resistance to the cattle tick through the estimation of variance components and genetic parameters for counting ticks in natural infestation, and also a possible genotype × environment interaction. The tick count data (TC) were transformed to $LTC = \log_{10}(TC + 1)$ and grouped into two regions/environments (A and B), defined by cluster analysis. A two-trait analysis was performed and the animal model considered a factor-analytic structure for the additive genetic covariance matrix with one common factor. The genetic-additive correlation between LTC in environments was 0.84. The genetic variability at a particular environment represented 18.54 and 12.84% of the total genetic-additive variance for LTC in environments A and B, respectively. The variances of the specific genetic-additive components in each environment represented only 2.30 and 1.40% of the phenotypic variance for LTC in environments A and B, respectively. The rank correlations among the common and specific genetic merits of the animals were above 0.99 for both environments. Factor analysis can be used to investigate the presence of genotype x environment interaction. Genotype × environment interaction for this trait was not observed in the studied population.

Keywords: beef cattle, factor analysis, *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*

Introdução

Em regiões tropicais a queda de produtividade associada a existência de ectoparasitas, como o carrapato, é uma realidade. Entre os danos causados verifica-se desde a queda do desempenho animal com redução do peso, diminuição da fertilidade e menor produção de leite, até a diminuição da qualidade do couro devido às cicatrizes causadas pela ação do carrapato. Além disso, somam-se os custos para o controle com a utilização de antiparasitários. Desta maneira, identificar e selecionar animais mais



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

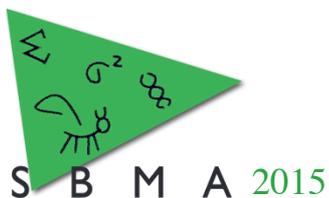
resistentes ao carrapato é uma alternativa viável para o controle dos mesmos. No Brasil existe uma grande extensão territorial que contribui para uma maior diversidade climática, garantindo particularidades regionais quanto ao regime de chuvas e temperaturas, que exercem influência sobre o nível de infestação por carrapatos. Há também diferentes sistemas de produção quando se considera a alimentação e manejo dos animais. Sendo assim, identificar os genótipos mais produtivos e resistentes aos carrapatos em diferentes sistemas de produção e ambientes é de grande importância. Geralmente os estudos de interação genótipo \times ambiente têm utilizado análises multi-características em que os fenótipos de uma mesma característica mensurados em ambientes distintos são considerados características diferentes, ou ainda, mais recentemente, modelos de norma de reação têm sido utilizados. Meyer (2009) apresentou uma abordagem fatorial para a avaliação genética de animais domésticos considerando a interação genótipo \times ambiente. Assim, o objetivo com este estudo foi estimar parâmetros genéticos para contagem de carrapatos em animais cruzados Nelore \times Hereford em diferentes estados e verificar a ocorrência de possível interação genótipo \times ambiente nessas regiões por meio de uma análise fatorial.

Material e Métodos

Os dados analisados são provenientes de 18 fazendas distribuídas nos estados de Mato Grosso do Sul (4), São Paulo (1), Paraná (5) e Rio Grande do Sul (8) e foram obtidos junto ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Braford pertencente à Conexão Delta G. Foram utilizadas informações de 6.156 animais cruzados Hereford \times Nelore, nascidos entre 2001 e 2007, filhos de 386 touros e 5.205 vacas. Os dados de contagem de carrapatos (CC) foram coletados utilizando a metodologia proposta por Cardoso et al., (2000), que consiste em contagem de fêmeas do carrapato a partir de 4 mm de diâmetro, na região compreendida entre as faces internas dos membros posteriores (região entre pernas). Os dados foram transformados para $LCC = \log_{10}(n + 1)$, sendo n o número de carrapatos contado por animal. As fazendas foram separadas em dois grupos (A e B) de acordo com a similaridade geoclimática dos municípios onde se localizavam e também pelo nível médio de infestações por carrapato dentro de fazenda, para isso foi utilizado o procedimento CLUSTER (SAS, 2015), utilizando-se o método de Ward. Os dados geoclimáticos utilizados foram: temperaturas médias anuais mínimas e máximas, pluviosidade, latitude e longitude. O grupo A foi composto pelas fazendas pertencentes ao estado do Rio Grande do Sul e três fazendas do estado do Paraná totalizando 3.189 informações. O grupo B foi composto por quatro fazendas pertencentes aos estados de Mato Grosso do Sul, São Paulo e duas localizadas na região norte do estado do Paraná, totalizando 2.967 informações. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos por: estação de nascimento (dezembro a fevereiro, março a maio, junho a agosto e setembro a novembro), ano de nascimento, sexo, rebanho, grupo de manejo, estação e ano da mensuração. Foi criada a variável grupo genético (GG) composta pela concatenação da composição racial da mãe e do animal de acordo com a proporção de genes Nelore. Os GC com menos de 3 observações foram excluídos, assim como GC sem variabilidade e também compostos por animais de um único GG. O modelo animal utilizado considerou uma estrutura de análise fatorial para a matriz de covariâncias genético-aditivas com um fator comum. Mais detalhes sobre a metodologia podem ser encontrados em Meyer (2009). Foram incluídos no modelo os efeitos fixos de GC e GG como classificatórios, as covariáveis idade do animal na data da mensuração (efeito linear) e o efeito linear da heterozigose individual (variando entre 0 e 1) e os efeitos genético-aditivo e resíduo como aleatórios. Os componentes de covariância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o programa WOMBAT (Meyer, 2007).

Resultados e Discussão

As CC médias (desvio-padrão) para os ambientes A e B foram, respectivamente, 10,98 (11,11) e 12,68 (12,72) carrapatos. As soluções de quadrados mínimos obtidas com o modelo animal para GG demonstraram que grupos formados por animais com maiores proporções de genes da raça Nelore na composição racial apresentaram menores CC. As estimativas dos coeficientes de regressão para o efeito da heterozigose (convertidas para a escala de CC) indicam que ocorre uma queda média de 0,19 carrapatos a cada aumento de 1% na heterozigose. A correlação genética aditiva entre LCC dos ambientes A e B foi 0,84, o mesmo valor encontrado por Ayres et al. (2015) trabalhando com o mesmo



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

conjunto de dados mas utilizando uma abordagem bi-característica padrão. De acordo com Robertson (1959) um valor dessa magnitude indicaria ausência de interação genótipo \times ambiente. A abordagem fatorial para esse problema é interessante pois permite um estudo mais detalhado por meio da partição da variabilidade genética em um componente comum aos ambientes e outros componentes específicos de cada ambiente. A variabilidade genética associada ao fator comum representou 81,45 e 87,16% da variância genética total de LCC nos ambientes A e B, respectivamente. Por sua vez, a variabilidade genética específica de cada ambiente representou 18,54 e 12,84% da variância genética total de LCC nos ambientes A e B, respectivamente. As proporções das variâncias fenotípicas de LCC nos ambientes A e B explicadas pela variação genética associada ao fator comum foram 10,20 e 9,80%, respectivamente. Já as variâncias dos componentes genético-aditivos específicos de cada ambiente representaram somente 2,30 e 1,40% das variâncias fenotípicas de LCC nos ambientes A e B, respectivamente. Os somatórios das proporções das variâncias fenotípicas de LCC nos ambientes A e B explicadas pelo fator comum e pelos fatores específicos são equivalentes às herdabilidades estimadas para LCC em cada ambiente. Os valores encontrados nesse estudo (0,12 e 0,11) são idênticos aos encontrados por Ayres et al. (2015). A solução para o efeito genético-aditivo associado ao fator comum pode ser considerada como o mérito genético do animal independente do ambiente. Por outro lado, a solução para o efeito do fator comum somada àquela referente ao fator específico de determinado ambiente representa o mérito genético do animal para o ambiente especificado (Meyer, 2009). As correlações de *rank* entre os méritos genéticos comum e específico dos animais foram acima de 0,99 para ambos os ambientes (A e B), indicando que a classificação dos animais praticamente não é alterada com a mudança de ambiente. De modo semelhante, a correlação de *rank* entre os méritos genéticos dos animais para os ambientes A e B também foi 0,99.

Conclusões

A diminuição do grau de infestação por carrapatos está diretamente relacionada ao aumento da proporção de genes *Bos indicus* em animais cruzados. A análise fatorial pode ser utilizada para a investigação de presença de interação genótipo \times ambiente e permite um estudo mais detalhado quando comparada à metodologia multi-características. Para a população avaliada não foi observada interação genótipo \times ambiente para a característica contagem de carrapatos.

Agradecimentos

À Conexão Delta G pela concessão do banco de dados que possibilitou a realização do estudo.

Literatura citada

- Ayres, D. R.; Pereira, R. J.; Boligon, A. A.; Baldi, F.; Roso, V. M. and Albuquerque, L. G. 2015. Genetic parameters and investigation of genotype \times environment interactions in Nellore \times Hereford crossbred for resistance to cattle ticks in different regions of Brazil. *Journal of Applied Genetics*, 56:107-113.
- Cardoso, V.; Fries, L. A. e Albuquerque, L. G. 2000. Comparação de diferentes métodos de avaliação da resistência genética de bezerros F1 Angus \times Nelore desmamados ao carrapato *Boophilus microplus*. p.460-463. In: Anais do III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Belo Horizonte, Brasil.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University Science B*, 8:815-821.
- Meyer, K. 2009. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. *Genetics Selection Evolution* 41.
- Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15:469-485.
- SAS Institute Inc. 2015. SAS/STAT[®] 14.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.