



Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus¹

Fernando Flores Cardoso², Maurício Morgado de Oliveira³, Leonardo Talavera Campos⁴

¹Pesquisa financiada pela FAPERGS (Processo 04/0808.4), CNPq (Processo 481565/2004-3) e Embrapa (Projeto 03.04.3.26)

²Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. CP 242 Bagé/RS. 96401-970. e-mail: fcardoso@cppsul.embrapa.br

³Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – UFPEL. Pelotas/RS. Bolsista do CNPq. e-mail: mmo@ufpel.tche.br

⁴Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares. Rua Anchieta 2043 Pelotas/RS. e-mail: ltcampos@terra.com.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes modelos hierárquicos bayesianos para caracterizar a presença de interação genótipo-ambiente (G*A) via normas de reação no ganho pós-desmama (GPD) de 63.098 bovinos Angus criados no Brasil e comparar a sensibilidade ambiental de touros nacionais e importados dessa raça. Três modelos foram utilizados para análise desses dados: um modelo animal (MA) ignorando interação G*A e dois modelos hierárquicos de normas de reação, sendo um em dois passos (MHNR2) que utiliza as soluções de grupos de contemporâneos previamente estimadas pelo MA como nível ambiental para obter normas de reação e outro que estima simultaneamente esses dois conjuntos de incógnitas em passo único (MHNR1). Pelo critério de informação da deviance, o MHNR1 foi que apresentou melhor ajuste aos dados, seguido pelo MHNR2 e o prior ajuste foi obtido pelo MA. Para o MHNR1 a herdabilidade foi crescente no gradiente ambiental, sendo de $0,18 \pm 0,01$; $0,29 \pm 0,02$ e $0,45 \pm 0,02$; respectivamente, para desvios ambientais em GPD de -50; 0 e +50 kg. A correlação genética entre o nível e inclinação das normas de reação foi de $0,77 \pm 0,01$; caracterizando efeito de escala em interação G*A. Além disso, a sensibilidade ambiental dos touros importados ou filhos de touros importados da América do Norte foi maior que a dos touros nacionais filhos de pais nacionais, os quais respondem menos à melhora das condições de criação, mas são mais robustos às variações ambientais.

Palavras-chave: avaliação genética, bovinos de corte, inferência bayesiana, interação genótipo-ambiente, normas de reação, sensibilidade ambiental

Hierarchical Bayesian models for genotype by environment interaction studies via reaction norms applied to post-weaning gain of Angus Cattle

Abstract: The objective of this work was to evaluate different hierarchical Bayesian models to characterize the presence of genotype by environment (G*E) interaction via reaction norms on post-weaning gain (PWG) of 63,098 Angus cattle raised in Brazil and to compare the environmental sensitivity of domestic and imported bulls of this breed. Three models were used to analyze the data: an animal model (AM) ignoring G*E interaction and two reaction norms hierarchical models, one being a two-step model (RNHM2) that used the contemporary group solutions previously estimated by the AM as the environmental level to obtain the reaction norms and another model that simultaneously estimates these two sets of unknowns in one step (RNHM1). By the deviance information criterion, the RNHM1 provided the best fit to the data, followed by RNHM2 and the worst fit was provided by the AM. For the MHNR1 heritability was increasing in the environmental gradient, being of 0.18 ± 0.01 , 0.29 ± 0.02 and 0.45 ± 0.02 ; respectively, for PWG environmental deviations of -50, 0 and +50 kg. Genetic correlation between level and slope of the reaction norms was 0.77 ± 0.01 , characterizing the scale effect of G*E interaction. Moreover, the environmental sensitivity of imported bulls and domestic bulls with imported sires was greater than that for domestic bulls with domestic sires, which had a lesser response to improvement in breeding conditions, but are more robust to environmental changes.

Keywords: Bayesian inference, beef cattle, environmental sensitivity, genetic evaluation, genotype by environment interaction, reaction norms

Introdução

A verificação da presença de interação genótipo-ambiente (G*A) é de suma importância para os programas de melhoramento genético, pois implica que os animais identificados como melhoradores em um determinado ambiente, não terão necessariamente a progênie de melhor desempenho se essa for criada em condições diferentes do ambiente dos quais os pais foram selecionados (Falconer et al., 1996). A resposta a variações gradativas no ambiente de produção pode ser caracterizada através de normas de

reação obtidas por meio de funções de covariância via modelos de regressão aleatória (Kirkpatrick et al., 1990). Desta forma, é possível identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes modelos hierárquicos bayesianos para caracterizar a presença de interação genótipo-ambiente via normas de reação no ganho de peso pós-desmama de bovinos Angus criados no Brasil e comparar a sensibilidade ambiental de touros nacionais e importados dessa raça.

Material e Métodos

Foram utilizados neste trabalho dados de ganho de peso pós-desmama padronizado para um período de 345 dias (GPD) de 63.098 animais pertencentes a rebanhos da raça Angus participantes do Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne (PROMEBO) da Associação Nacional de Criadores "Herd Book Collares" de 1974 a 2005. Três modelos foram utilizados para análise desses dados: um modelo animal (MA) ignorando interação G*A e dois modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR). Nesses modelos, o primeiro estágio corresponde à densidade condicional de amostragem do vetor de dados, assumindo que os registros de GPD têm distribuição normal, com média determinada por uma função linear dos efeitos fixos de covariáveis para idade da vaca e idade do bezerro com coeficientes lineares e quadráticos, efeito aleatório de ambiente do grupo de contemporâneos (GC; rebanho, ano, estação, manejo, sexo e data da pesagem) e efeitos genéticos (intercepto e coeficiente de regressão linear aleatórios, correspondentes à norma de reação do animal ao ambiente), com variância residual (VE) heterogênea por meio de uma função linear na escala logarítmica do desvio ambiental (X), o qual foi determinado pela solução do GC correspondente ao registro. Neste caso, o valor genético do animal (ou norma de reação) é obtido pela soma do intercepto com o produto do coeficiente de inclinação e X, ou seja, para cada ambiente há um valor genético específico de cada animal. No segundo estágio, para os parâmetros de locação adotaram-se densidades a priori uniformes para os efeitos fixos e para os efeitos de GC e genéticos, foram assumidas distribuições normais multivariadas com média nula e matriz de covariância diagonal no caso de GC, e determinada pelas relações de parentesco e pelas variâncias genéticas aditivas do nível ou intercepto (VA) e da inclinação (VB) das normas de reação, e pela covariância entre nível e inclinação (COVAB) da norma de reação, para efeitos genéticos. Deste modo, a variância genética aditiva no ambiente X ($VG|X$) é dada por $VG|X = VA + X*X*VB + 2*X*COVAB$. Finalmente, o terceiro estágio foi composto por uma distribuição de Wishart invertida para a matriz de covariância das normas de reação e Gama invertida para as variâncias de GC e residual, e para o fator de heterogeneidade de variância. A distinção entre os dois MHRN, se dá pela forma de obtenção de X, num caso o procedimento estima conjuntamente X e a norma de reação em uma única análise (MHNR1), similarmente ao proposto por Su et al. (2006), enquanto que no outro, o procedimento se dá em dois passos (MHNR2), com X obtido pelas soluções de GC oriundas de análise prévia usando o MA padrão com VE homogênea. As estimativas dos parâmetros foram obtidas usando-se uma abordagem bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via cadeias de Markov de 100.000 ciclos, após um período de descarte de 10.000 ciclos. Os modelos MA, MHNR1 e MHNR2 foram comparados utilizando-se o critério de informação da deviance (DIC; Spiegelhalter et al., 2002). Uma análise de variância sobre a média a posteriori das predições dos valores genéticos para a inclinação das normas de reação foi utilizada para comparar a sensibilidade ambiental de 646 touros nacionais e importados listados no Sumário de Touros do PROMEBO de 2005, sendo considerada a origem do touro e do pai do touro.

Resultados e Discussão

Com base no DIC, o MHRN1 foi que apresentou o melhor ajuste aos dados, seguido pelo MHNR2 e o prior ajuste foi obtido pelo MA. As soluções para GC foram bastante semelhantes entre os três modelos, sendo que a correlação de Pearson entre estas foram superiores a 0,99. O gradiente ambiental para GPD estimado pelo MHRN1, a partir dos desvios de GC (2.482 níveis), teve amplitude de -92,2 a 239,9 kg. Os parâmetros genéticos da população obtidos pelos dois MHNR são apresentados na Tabela 1. Para o modelo animal padrão, onde valores genéticos e variâncias genética e residual foram considerados constantes no gradiente ambiental, a herdabilidade (h^2) foi de $0,11 \pm 0,01$, sendo de menor magnitude em comparação com resultados previamente obtidos para GPD em um sub-conjunto de dados até 1997 dessa população (Cardoso et al., 2005), o que provavelmente se deva a inclusão de novos rebanhos de outras regiões do país, aumentando a fração ambiental não ajustada pelo modelo. As h^2 para MHNR1 e MHNR2 foram crescentes no gradiente ambiental e superiores as obtidas pelo MA, portanto evidenciando a atribuição de maior proporção da variação fenotípica a fatores genéticos em relação aos fatores ambientais por esses modelos em relação ao MA e maior resposta à seleção, especialmente nos

melhores ambientes. As médias a posteriori positivas das correlações genéticas entre o nível e a inclinação da norma de reação (Tabela 1) indicam que os animais de maior valor genético médio para GPD foram os que mais responderam a melhora no ambiente. Esses resultados caracterizam o efeito de escala em interação genótipo-ambiente (Falconer et al., 1996), também observado por Kolmodin et al. (2002) para produção de proteína em bovinos de leite. A sensibilidade ambiental dos touros importados da América do Norte (Estados Unidos e Canadá) não foi significativamente diferente da dos touros nacionais filhos de pais norte-americanos; entretanto, foi maior para esses dois grupos em comparação aos touros nacionais filhos de pais nacionais, ou seja, indivíduos que passaram por dois ciclos de seleção no Brasil.

Tabela 1 Média, desvio padrão (DP) e intervalo de probabilidade de 95% (IPP95) a posteriori da herdabilidades (h^2) em diferentes níveis de ambiente (X) e correlações genéticas entre nível e inclinação das normas de reação obtidas por modelos hierárquicos de normas de reação usando procedimentos de um (MHNR1) e dois passos (MHNR2).

Modelo	Parâmetro	Média a posteriori	Desvio padrão a posteriori	Intervalo de probabilidade de 95% a posteriori
MHNR1	$h^2 X = -50$ kg	0,18	0,01	(0,16; 0,19)
MHNR1	$h^2 X = 0$ kg	0,29	0,02	(0,26; 0,33)
MHNR1	$h^2 X = +50$ kg	0,45	0,02	(0,41; 0,50)
MHNR1	Correlação	0,77	0,01	(0,74; 0,80)
MHNR2	$h^2 X = -50$ kg	0,21	0,01	(0,19; 0,23)
MHNR2	$h^2 X = 0$ kg	0,26	0,01	(0,23; 0,29)
MHNR2	$h^2 X = +50$ kg	0,36	0,02	(0,32; 0,39)
MHNR2	Correlação	0,66	0,02	(0,62; 0,70)

Conclusões

Existe interação genótipo-ambiente no ganho de peso pós-desmama de bovinos Angus, sendo essencialmente devida ao efeito de escala e devendo ser considerada nos programas de avaliação genética para aumentar a precisão de seleção e o ganho genético na população.

A genética Angus importada deve ser utilizada preferencialmente nos sistemas de produção mais intensivos, pois apresenta maior resposta à melhora das condições de criação, enquanto que a genética selecionada no País é mais robusta às variações ambientais.

Literatura citada

- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. (CD-ROM 6_Melhoramento)\818.htm).
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Harlow: Longman Group Ltd., 1996. 464 p.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agricultura Scandinavia, Sect. A, Animal Science**, v.52, p.11–24, 2002.
- SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P., et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, v.64, p.583-616, 2002.
- SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651- 1657, 2006.