

# USO DA ANÁLISE BAYESIANA NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE DE CARACTERÍSTICAS DE PESO DE BOVINOS<sup>1</sup>

ARTHUR DOS SANTOS MASCIOLO<sup>2</sup>, ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS<sup>3</sup>, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR<sup>3</sup>, ELIAS NUNES MARTINS<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Trabalho financiado pela FAPESP.

<sup>2</sup> Estudante de Doutorado, UNESP/jaboticabal. Bolsista da FAPESP.

<sup>3</sup> Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Caixa Postal 339, CEP: 13569-970, São Carlos, SP. Bolsista do CNPq.

<sup>4</sup> Professor da Universidade Estadual de Maringá (UEM). Bolsista do CNPq.

**RESUMO:** O objetivo foi estudar a interação genótipo x ambiente (duas épocas de nascimento). Estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas para os pesos à desmama e aos 12 meses de idade, ganho de peso médio diário entre essas idades e um índice combinando essas características por componentes principais, em bovinos Canchim.

Realizaram-se análises bicaracter por meio de análise bayesiana e amostrador de Gibbs em modelo animal contendo os efeitos fixos de sexo, ano e mês de nascimento do animal e idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático). A distribuição dos estimadores de parâmetros genéticos nas duas épocas considerando-se 3.000 amostras aleatórias associadas e a média *à posteriori* dos mesmos mostraram evidências de interação genótipo x ambiente.

**PALAVRAS-CHAVE:** bovinos de corte, época de nascimento, pesos.

## BAYESIAN ANALYSIS IN THE STUDY OF GENOTYPE x ENVIRONMENT INTERACTION FOR GROWING TRAITS OF CATTLE

**ABSTRACT:** The objective was to study genotype x environment (two seasons of birth) interaction. Genetic parameters were obtained for weaning and yearling weights, daily weight gain from weaning to yearling, and an index by principal component analysis including these traits, for a Canchim herd. Two-trait analyses, by bayesian analysis and Gibbs Sampler, in an animal model containing the fixed effects of sex, year and month of birth and age of cow (linear and quadratic effects), were done. The distribution of the genetic parameters estimators in the two seasons, considering 3,000 random samples and a posteriori mean, showed significant genotype x environment interaction.

**KEYWORDS:** beef cattle, body weights, season of birth.

## INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente é de interesse para o melhoramento genético animal. Uma questão básica é saber se a seleção praticada em determinado ambiente também resultará em progresso genético em outro tipo de ambiente. A interação pode interferir nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (HENDERSON, 1984). Segundo FALCONER (1952) e YAMADA (1962), quando uma característica é avaliada em ambientes diferentes, a mesma pode ser interpretada como sendo duas características distintas desde que a correlação genética entre elas seja inferior a 1. O objetivo deste trabalho foi avaliar a importância da interação genótipo x ambiente para características de peso na raça Canchim, para animais nascidos em duas épocas do ano.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados observações de pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, padronizados para 240 e 365 dias de idade, respectivamente, e ganho de peso diário entre essas idades (GDA) de 6.522 bovinos da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste (CPPSE), São Carlos, SP. Uma quarta característica (CPG), foi obtida por meio de componentes principais pelo procedimento PRINCOMP (SAS, 1996), combinando PD, P12 e GDA, ou seja  $CPG = 0,5342PD + 0,7388P12 + 0,4199GDA$ . Esse índice explicou 79,0 % da variação total, indicando maior contribuição de P12, seguido de PD e GDA. Considerando-se a mesma característica em cada época como sendo características distintas, foram feitas análises bicaracter para PD, P12, GDA e CPG, por meio de análise bayesiana e amostrador de Gibbs (GS). Foi utilizado um modelo animal contendo os efeitos fixos de sexo, ano e mês de nascimento do animal e idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático), além do efeito aleatório de animal. O software usado para implementar o GS é o MTGSAM ("Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models") de VAN TASSEL & VAN VLECK (1995). Antes de iniciar a amostragem de Gibbs, o MTGSAM usa o método iterativo de Gauss-Seidel (IGS) sobre as Equações de Modelos Mistos (EMM), para obter os valores iniciais dos efeitos fixos e aleatórios para iniciar a amostragem de Gibbs. Utilizou-se um máximo de 1.000 iterações por IGS, sendo usado  $0,100000 \times 10^{-8}$  para determinar a convergência. Foram descartados ("burn-in") 30.000 ciclos antes das amostras serem consideradas como provenientes da distribuição posterior. Assim, do total de 330.000 ciclos e freqüência de utilização das amostras a cada 100 ciclos ("thinning interval"), resultaram 3.000 amostras de médias posteriores de variâncias e covariâncias. As estimativas de variâncias e covariâncias genéticas e residuais fornecidas como valores iniciais foram estimadas pelo MTDFREML. A distribuição de Wishart invertida foi usada como distribuição *a priori* das variâncias e covariâncias genéticas e residuais, utilizando-se forma de parâmetro simétrico igual a 6 e 5, respectivamente. A existência ou não de interação genótipo x ambiente foi avaliada conjuntamente pelo comportamento diferenciado, nas duas épocas, das estimativas de variâncias genéticas e residuais, razões entre elas, herdabilidades e correlação genética, além do índice de resposta relativa da seleção indireta.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos de PD, P12, GDA e CPG, por época de nascimento estão no Quadro 1. Observam-se, estimativas de herdabilidade semelhantes nas duas épocas, enquanto que os valores das correlações genéticas para as características de PD, GDA e CPG variaram de 0,65 a 0,81, sugerindo interação genótipo x época de nascimento. Na análise de quartis e percentis considerando-se as 3.000 amostras aleatórias, verificou-se para PD, que a razão  $\hat{a}_1^2/\hat{a}_2^2$  (os índices 1 e 2 referem às épocas 1 e 2, respectivamente) foi igual a 0,94, e que  $\hat{a}_1^2$  tem 70% de probabilidade de ser menor do que  $\hat{a}_2^2$ ; quanto às variâncias residuais verificou-se que  $\hat{e}_1^2 = 444,6$  foi menor que  $\hat{e}_2^2 = 545,7$  e a razão  $\hat{e}_1^2/\hat{e}_2^2 = 0,82$ , com probabilidade de 98% de  $\hat{e}_1^2$  ser menor que  $\hat{e}_2^2$ . As herdabilidades estimadas foram iguais a 0,44 e 0,41 para as duas épocas, respectivamente. Para P12, a razão  $\hat{a}_1^2/\hat{a}_2^2$  foi igual a 1,22, e  $\hat{a}_1^2$  tem 75% de probabilidade de ser maior do que  $\hat{a}_2^2$ ; quanto às variâncias residuais, verificou-se maior variância na época 1, ou seja,  $\hat{e}_1^2 = 666,72$ ,  $\hat{e}_2^2 = 579,79$  e  $\hat{e}_1^2/\hat{e}_2^2 = 1,15$ , indicando probabilidade de 75% de  $\hat{e}_1^2$  ser maior que  $\hat{e}_2^2$ . Como as variâncias genética aditiva são dominantes em relação às variâncias residuais no cálculo das estimativas de herdabilidade, o maior valor de  $\hat{a}_2^2$  proporcionou estimativas de herdabilidade semelhantes nas duas épocas, ou seja,  $h_1^2 = 0,41$ ,  $h_2^2 = 0,39$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,04$ . Quanto a GDA, os resultados foram similares aos obtidos para P12. As médias à posteriori de  $\hat{a}_1^2$  e  $\hat{a}_2^2$  foram iguais a 0,0044 e 0,0046, respectivamente, e  $\hat{a}_1^2/\hat{a}_2^2 = 1,00$ ; e a análise dos percentis indica que há 50% de probabilidade de  $\hat{a}_1^2$  ser igual a  $\hat{a}_2^2$ . Quanto às variâncias residuais,  $\hat{e}_1^2 = 0,0276$ ,  $\hat{e}_2^2 = 0,0278$  e  $\hat{e}_1^2/\hat{e}_2^2 = 0,99$ , indicando probabilidade de 50% de  $\hat{e}_1^2$  ser igual a  $\hat{e}_2^2$ . Para as herdabilidades, obtiveram-se  $h_1^2 = 0,14$ ,  $h_2^2 = 0,14$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,01$ , indicando similaridade nas duas épocas, a exemplo de P12. Quanto à CPG, as médias à posteriori de  $\hat{a}_1^2$  e  $\hat{a}_2^2$  foram iguais a 649,70 e 577,41 e  $\hat{a}_1^2/\hat{a}_2^2 = 1,14$ , indicando que há 70% de probabilidade de  $\hat{a}_1^2$  ser maior que  $\hat{a}_2^2$ . Quanto às variâncias residuais,  $\hat{e}_1^2 = 703,67$ ,  $\hat{e}_2^2 = 677,28$  e  $\hat{e}_1^2/\hat{e}_2^2 = 1,04$ , indicando probabilidade de 50% de  $\hat{e}_1^2$  ser igual a  $\hat{e}_2^2$ . Para as herdabilidades, obtiveram-se  $h_1^2 = 0,48$ ,  $h_2^2 = 0,46$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,05$ , resultados semelhantes aos obtidos para PD, P12 e GDA. Para todas as características, as respostas esperadas relativas na época 1 quando a seleção é feita com base na época 2, em relação à seleção direta na época 1, foram predominantemente abaixo de 1,0 para as 3.000 amostras, sugerindo a existência de interação genótipo x ambiente. Confrontando-se as estimativas de parâmetros genéticos obtidas no presente trabalho com aquelas obtidas no mesmo conjunto de dados e estimadas pela metodologia MTDFREML (MASCIOLI et al., 2000), observam-se valores de herdabilidades semelhantes pelas duas metodologias, enquanto que os de correlações genéticas foram distintos, ou seja, maiores nos obtidos por MTDFREML e menores nos obtidos por MTGSAM. As baixas correlações genéticas e as variações entre os componentes de variância para as várias características nas duas épocas de nascimento, sugerem a existência de interação genótipo x ambiente no rebanho estudado.

## CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste trabalho sugerem que existe interação genótipo x época de nascimento para PD, P12, GDA e CPG no rebanho Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, indicando que a avaliação genética e a seleção de animais devem ser feitas dentro de época.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Amer.Nat.*, v.86, n.830, p.293-298, 1952.
2. HENDERSON, c. r. *Applications of linear models in animal breeding*. Ontário: Univ. of Guelf, 1984. 462p.
3. MASCIOLI, A.S., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., MARTINS, E.N. Interação genótipo x ambiente para características de crescimento até os 12 meses de idade em bovinos Canchim. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 37, 2000, Viçosa, Anais...Viçosa:SBZ, 2000, p.
4. STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS INSTITUTE – SAS. *Statistical analysis systems user's guide: Stat, Version 6, 4<sup>th</sup> Ed.*, v.2, Cary, NC – SAS Institute, 1990.
5. VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation. (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agriculture Research Service, 1995. 86p.
6. YAMADA, Y. Genotype by environment interaction and genetic correlation of the same trait under different environment. *Japanese J. Genetics*, v.37, p.498-509, 1962.

QUADRO 1 -	Componentes de (co)variância à posteriori, herdabilidades e correlações genéticas para os pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, ganho de peso médio diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e primeiro componente principal combinando PD, GDA e P12 (CPG), para os animais Canchim nascidos no 1º (época 1) e no 2º (época 2) semestres do ano
------------	---

	Co(variâncias)					Parâmetros Genéticos			
	Época 1		Época 2		1 e 2	Época 1		Época 2	
Caract.	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{a12}$	$h_a^2$	$h_a^2$		$r_g$
PD	353,6	444,6	380,1	545,7	293,4	0,44	0,41		0,80
P12	458,3	666,8	378,2	580,3	363,3	0,41	0,39		0,88
GDA*	4,4	27,6	4,6	27,8	2,8	0,14	0,14		0,65
CPG	649,4	703,7	575,5	677,6	490,8	0,48	0,46		0,81

<sup>a</sup>  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_e^2$  e  $\sigma_{a12}$  = componentes de variância aditivo direto, residual e de covariância aditiva direta, respectivamente. \* x 1.000.

<sup>a</sup>  $h_a^2$  e  $r_g$  = herdabilidade direta e correlação genética, respectivamente.