

Estimação de normas de reação adaptativas ao longo do desenvolvimento usando modelo de regressão aleatória múltipla

Pegolo, NT¹; de Oliveira, HN^{1,2}; Albuquerque, LG³; Lôbo, RB⁴; Bezerra, LAF¹

¹Departamento de Genética - FMRP, Universidade de São Paulo (USP)

²Departamento de Nutrição e Melhoramento Animal - FMVZ, Universidade Estadual Paulista (UNESP)

³Departamento de Zootecnia - FCAV, Universidade Estadual Paulista (UNESP)

⁴Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP)
tpegolo@usp.br

Palavras-chave: normas de reação, regressão aleatória, desenvolvimento, peso, bovinos

O conceito para norma de reação ao longo do desenvolvimento (NRD) é dado por Schlichting and Pigliucci (1998) como sendo o conjunto completo de trajetórias ontogênicas multivariadas que podem ser produzidos por um único genótipo exposto a todos os ambientes biologicamente relevantes. Os mesmos autores consideram a NRD um modelo ideal para expressar e entender as interconexões entre as várias abordagens da evolução fenotípica, elucidando os caminhos envolvidos na transição epigenética do genótipo para o fenótipo. Neste trabalho, agregamos uma visão da Genética Quantitativa ao isolar o componente genético aditivo da característica analisada, tornando a NRD adaptativa (NRAD). Usando 408.416 dados de peso das progênes de touros Nelore do Programa Nelore Brasil da ANCP, realizamos a estimação da função de covariância (FC) e a predição das NRADs, por meio de um modelo de regressão aleatória com variáveis de controle múltiplas, citada por Meyer e Kirkpatrick (2005), usando programa BLUPF90 de Mizstal (1999) e suas atualizações, com a estimação dos parâmetros genéticos por inferência bayesiana. O modelo considerou polinômios de Legendre lineares ao longo do gradiente ambiental (gerado pela média de peso de grupos contemporâneos) e cúbicos ao longo do gradiente temporal (definido pelos dias após nascimento, com os pesos ajustados aos 120, 210, 365 e 450 dias), com 20 classes residuais, evitando heteroscedasticidade. Separamos os dados de progênes machos (PM) e fêmeas (PF) em duas análises diferentes, pois análises anteriores indicaram ser a melhor abordagem. A aplicação do modelo resultou em duas matrizes simétricas de ordem cinco, com os coeficientes da FC a partir de PM e PF, evitando a superparametrização comum às análises multivariadas. O modelo permitiu a estimação das herdabilidades (h^2), bem como a predição do valor genético de animais, em qualquer ponto dos eixos ambiental e temporal, gerando gráficos de superfície. As correlações entre os coeficientes da CF indicaram importantes conexões entre atributos das NRADs, como entre plasticidade ambiental e inclinação da curva de crescimento em machos. A superfície de h^2 para PM apresentou valores menores (entre 0,11 e 0,39), havendo uma depressão em ambientes desfavoráveis. Com PF, a h^2 foi maior (entre 0,19 e 0,59), com a depressão bastante delimitada e deslocada para ambientes menos desfavoráveis e para menores idades, confirmando uma interação genótipo-ambiente-idade-sexo. A metodologia permitiu prever o efeito da seleção fenotípica para peso nos coeficientes da FC, e assim, a resposta correlacionada ao longo de todo o gradiente ambiental e de desenvolvimento, em ambos os sexos.

Apoio financeiro: CAPES.