

Evolução comparada dos parâmetros genéticos de herdabilidade e evolvabilidade em rebanhos virtuais simulados a partir de modelos de norma de reação

AUTOR¹, AUTOR², AUTOR³, AUTOR⁴

1

2

Área de conhecimento (Tabela CNPq): 5.04.02.00-5 Genética e Melhoramento dos Animais Domésticos

Apresentado no
10º Congresso de Inovação, Ciência e Tecnologia do IFSP
27 e 28 de novembro de 2019- Sorocaba-SP, Brasil

RESUMO: Os atuais programas brasileiros de avaliação genética não consideram a interação genótipo-ambiente, apesar de estudos científicos indicarem sua significância. Nestes estudos, onde modelos de normas de reação adaptativas são adotados, as comparações entre ganhos genéticos esperados nos diferentes ambientes são realizadas utilizando-se a herdabilidade, onde a variação genética é padronizada pela variância fenotípica. O objetivo deste trabalho foi verificar a adequação da herdabilidade em comparação com outro indicador, a evolvabilidade, onde a variação genética é padronizada pela média da característica, como indicadores de ganho genético esperado utilizando simulação e modelagem baseada em agentes, sendo elaborado software escrito na linguagem NetLogo. Assim, foram criados rebanhos virtuais utilizando parâmetros genéticos estimados a partir de rebanhos reais de bovinos da raça Nelore no Brasil em modelo de norma de reação. Foram avaliadas as diferenças entre os parâmetros em diferentes ambientes e ao longo do processo de seleção por peso, sendo simuladas 20 gerações da população virtual. Observaram-se diferenças importantes no comportamento dos dois parâmetros. Concluiu-se, do trabalho, que a escolha dos ambientes com melhores respostas à seleção é dependente do parâmetro de análise, sendo que a herdabilidade reflete o ganho por animal e a evolvabilidade o ganho por unidade de peso.

PALAVRAS-CHAVE: melhoramento genético; interação genótipo-ambiente; norma de reação.

Comparative study between heritability and evolvability as indicators of expected genetic gain in simulations with agent-based modeling

ABSTRACT: Present Brazilian evaluation programs do not consider genotype-by-environment interaction, even with several scientific studies indicate its significance. In these studies, where adaptive reaction norm models are adopted, comparisons between expected genetic gains in different environments are made using heritability, where genetic variation is standardized by phenotypic variance. The objective of this work was to verify the adequacy of heritability in comparison with another indicator, evolvability, where genetic variation is standardized by the average of the trait, as indicators of expected genetic gain using agent-based modeling and simulation with a software made with NetLogo language. Thus, virtual herds were bred using genetic parameters estimated from real herds of Nelore cattle in Brazil using the reaction norm model. Differences between the parameters in different environments and throughout the selection process on weight were evaluated, and 20 generations of the virtual population were simulated. Important differences were observed in the behavior of the two parameters. It was concluded that the choice of the environments with better responses to the selection is dependent on the analysis parameter, with heritability an indicator of individual gain and evolvability and indicator of gain per unity of weight.

KEYWORDS: animal breeding; genotype by environment interaction; reaction norm.

INTRODUÇÃO

Classificar e selecionar animais são práticas milenares associadas ao melhoramento genético e que, atualmente, com o apoio da tecnologia, está ganhando cada vez mais espaço. Segundo Araújo Neto et al. (2018) a predição dos valores genéticos permite a seleção de indivíduos com potencial produtivo superior ao combinar informações genealógicas e fenotípicas aos fatores de criação associados. No entanto, os modelos utilizados não se atentam aos efeitos da interação genótipo-ambiente (IGA). Principalmente em estudos utilizando os modelos de norma de reação (KOLMODIN

et al, 2003; PEGOLO et al, 2009 PEGOLO et al, 2011; PEREIRA et al, 2018), observa-se a comparação dos potenciais ganhos genéticos por meio da herdabilidade.

Um questionamento importante surge do trabalho de Houle (1992), que afirma que a herdabilidade (a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica da população) nem sempre é o melhor indicativo de ganho genético. Ele sugere que seja utilizado um indicador menos viesado, a evolvabilidade, onde a padronização é realizada pela média da característica, permitindo uma melhor comparação entre o progresso genético em diferentes ambientes. Assim, em avaliações utilizando modelos de norma de reação, surge o questionamento de qual parâmetro deve ser utilizado, uma vez que o gradiente de regressão das normas de reação é definido pela média da característica.

O objetivo deste trabalho foi utilizar software em linguagem NetLogo (WILENSKY, 1999) em simulações multidimensionais, com o objetivo de comparar a evolução dos parâmetros de herdabilidade e evolvabilidade em modelos de norma de reação, considerando rebanhos virtuais gerados a partir de matrizes de (co)variância estimadas com dados reais de rebanhos de bovinos da raça Nelore no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

O projeto foi parte integrante da linha de pesquisa desenvolvida pelo Grupo de Genética Multidimensional Aplicada, registrado no CNPq, para a sua realização. Os dados reais foram fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos, numa parceria entre a ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) e o IFPS – Campus Avaré. Foram utilizados pesos ajustados de animais aos 450 dias (P450) e distribuídos em grupos de contemporâneos (GC), definidos com base nos efeitos fixos de sexo, estação de nascimento, rebanho e manejo, excluindo-se GCs com menos de 40 indivíduos, sendo esta a população que gerou os parâmetros iniciais para a simulação.

Definiu-se um gradiente ambiental por meio de um descritor calculado pela média dos GCs agrupados em valores inteiros dos desvios multiplicados por 10 e limitados nos extremos em -15 e +15. A matriz de coeficientes da função de (co)variância foi estimada utilizando-se a metodologia descrita por Pegolo et al. (2011), numa abordagem de normas de reação adaptativas, por meio de regressão aleatória com polinômios de Legendre de segunda ordem (lineares), numa análise por inferência bayesiana com variância residual heterocedástica, com 5 classes residuais (A, B, C, D e E). Utilizou-se software GIBBS3F90, do pacote BLUPF90 de Misztal (2008).

Os parâmetros genéticos e fenotípicos estimados foram utilizados como base para a simulação da evolução de rebanho virtual. Utilizou-se a linguagem NetLogo (WILENSKY, 1999) na construção de software que simula um rebanho, cujos animais virtuais são os agentes do modelo, sendo atribuídos valores genéticos calculados pelos coeficientes das normas de reação e valores fenotípicos considerados para seleção, a partir de estimados do rebanho Nelore real, amostrados segundo a distribuição definida pela matriz de coeficientes da função de (co)variância estimada. A evolução do rebanho considerou intensidades de seleção de 10% com base no valor dos fenótipos, em 5 pontos do gradiente ambiental (-1, -0,5, 0, 0,5 e 1). Foram realizadas 100 simulações com rebanhos de 1000 indivíduos, gerando uma distribuição de valores de herdabilidade e evolvabilidade e ganho genético para cada ambiente ao longo de 20 gerações discretas a partir de acasalamentos aleatórios, seguindo as equações abaixo.

$$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2 \quad (1)$$

$$Ev = \sigma_a^2 / (\bar{X} \cdot \sigma_p) \quad (2)$$

$$\Delta G = i \cdot h^2 \cdot \sigma_p \quad (3)$$

em que,

h^2 – herdabilidade

Ev – evolvabilidade

ΔG – ganho genético por indivíduo

σ_a^2 – variância genética aditiva

σ_p^2 – variância fenotípica

$\bar{X}$ – valor médio

σ_p – desvio padrão fenotípico

i – intensidade de seleção

Os valores de ganho genético (ΔG) foram divididos pelo peso médio dos animais em cada geração para gerar os valores de ganho genético por unidade de peso (expressos em %).

As análises estatísticas dos resultados das simulações geradas foram realizadas com o software R (R CORE TEAM, 2014), considerando as distribuições *a posteriori* dos parâmetros de análise.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Inicialmente, foi obtida a matriz estimada dos coeficientes da função de (co)variância do rebanho Nelore, mostrada na Tabela 1, com os valores médios estimados de cada parâmetro e seus intervalos de mais alta densidade posterior (HPD), sendo que estes valores foram utilizados no software desenvolvido na linguagem NetLogo para a simulação da evolução dos rebanhos virtuais.

TABELA 1. Valores estimados dos parâmetros genéticos do modelo de norma de reação do rebanho Nelore e os intervalos de mais alta densidade posterior (Intervalo HPD).

Parâmetros	Valores Médios Estimados	Intervalo HPD	
		Máx	Mín
Variância do coeficiente de nível	494,73	459,1	531,8
Variância do coeficiente de inclinação	28,297	12,7	42,56
Covariância entre nível e inclinação	21,117	14,26	28,88
Variância residual A	344,74	324,3	365,4
Variância residual B	437,44	420,8	453,8
Variância residual C	479,61	462,3	496,7
Variância residual D	499,03	479,1	518,9
Variância residual E	439,57	412,9	464,9

As médias das herdabilidades e das evolvabilidades foram decrescentes ao longo das gerações em todos os ambientes. Porém, os valores de evolvabilidade foram maiores para os ambientes mais negativos e menores para ambientes mais positivos, diferindo da análise de herdabilidade, com valores maiores para ambientes extremos e menores para os ambientes intermediários (Figura 1). Observa-se que a seleção em ambiente extremo positivo (valor 1.0) teve valores de herdabilidade inferiores somente aos valores da seleção em ambiente extremo negativo (-1.0), sendo os valores de evolvabilidade neste ambiente inferiores aos valores da seleção realizada em todos os outros ambientes (exceção ao ambiente de valor 0.5, sem diferença significativa nas primeiras gerações).

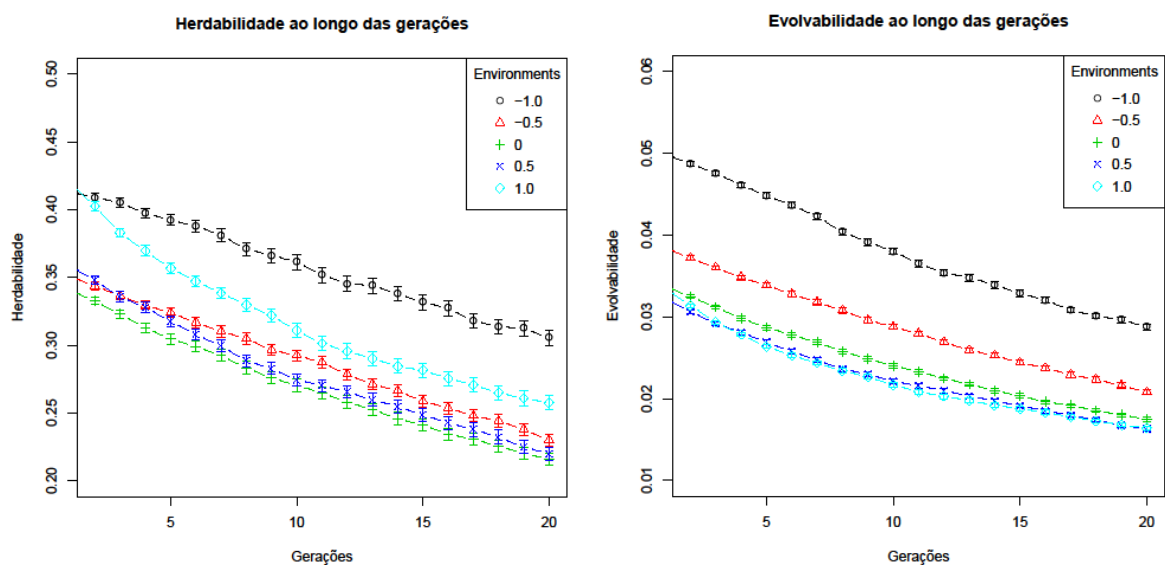


FIGURA 1. Evolução dos valores médios da herdabilidade e da evolvabilidade e erros padrão associados ao longo de 20 gerações em diferentes ambientes (Environments -1.0, -0.5, 0, 0.5 e 1.0).

Quando se compara os valores obtidos para o ganho genético por indivíduo e o ganho genético por unidade de peso, verifica-se o mesmo comportamento obtido para a herdabilidade e a evolvabilidade, respectivamente. Assim, pode-se confirmar que a herdabilidade leva em consideração o indivíduo como referência evolutiva, sendo que seu peso inicial não influencia o parâmetro diretamente. A evolvabilidade reflete o ganho genético sobre a unidade de medida a ser selecionada, sendo importante o valor do peso inicial dos animais. Nos modelos de norma de reação, os pesos médios dos indivíduos diferem significativamente conforme o ambiente de seleção, gerando a diferença observada entre os parâmetros genéticos analisados.

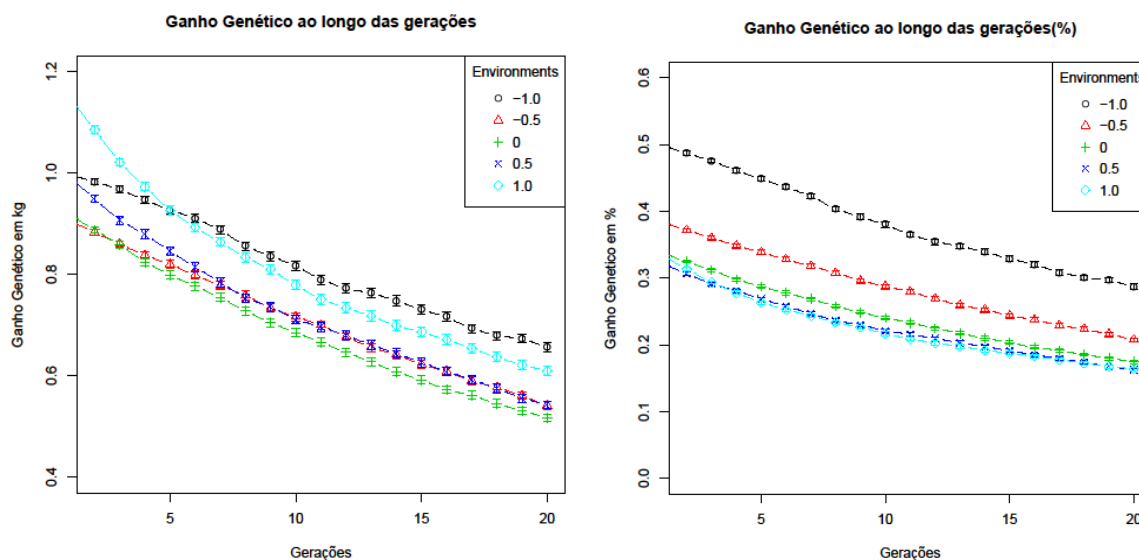


FIGURA 2. Evolução do ganho genético em kg por animal e em porcentagem do peso e erros padrões associados ao longo de 20 gerações em diferentes ambientes (Environments -1.0, -0.5, 0, 0.5 e 1.0)

CONCLUSÕES

As sequências dos ambientes baseadas nos valores crescentes de herdabilidade e evolvabilidade não coincidem nas simulações de rebanhos com seleção por fenótipos. Tal diferença se refletiu também na referência dada ao ganho genético, se considerado no indivíduo ou na unidade de medida selecionada. Portanto, a escolha dos ambientes de melhor resposta à seleção é dependente do parâmetro de análise (herdabilidade ou evolvabilidade), sendo que o ganho por unidade de peso se mostra mais importante quando se utiliza modelos de norma de reação, onde o peso médio dos indivíduos é bastante diferente em diferentes pontos do gradiente ambiental, afetando significativamente nas estratégias dos programas de seleção que consideram a interação genótipo-ambiente.

AGRADECIMENTOS

Ao programa de incentivo a pesquisa PIBIFSP do IFSP campus Avaré e à ABCZ pelo fornecimento dos dados utilizados.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO NETO, F. R.; PEGOLO, N. T.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; OLIVEIRA, H. N. Study of the effect of genotype-environment interaction on age at first calving and production traits in Nellore cattle using multi-trait reaction norms and Bayesian inference. *Animal Science Journal*. v. 89, n. 7, p. 939945, 2018.
- HOULE, D. Comparing Evolvability and Variability of Quantitative Traits. *Genetics Society of America*, v. 130, n.1, p. 195-204, 1992.
- KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; JORJANI, H.; DANNEL, B. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. *Animal Science*. v. 76, p. 375-385, 2003.

PEGOLO, N. T., ALBUQUERQUE, L. G. D., LÔBO, R. B., & DE OLIVEIRA, H. N. Effects of sex and age on genotype× environment interaction for beef cattle body weight studied using reaction norm models. *Journal of Animal Science*, 89(11), 3410-3425, 2011.

PEGOLO, N. T.; OLIVEIRA, H. N.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L.; LOBO, R. B. 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.

PEREIRA, R. N.; SERODIO, R. L.; VENTURA, H. T.; ARAÚJO NETO, F. R.; PEGOLO, N.T. Robostness clusters as selection criterium in genetic impovement mitigation of the impacts os climate change. *Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas*. v. 12, n. 2, p. 152-163, 2018.

WILENSKY, U. Center for Connected Learning and Cumputer-Based Modeling Northwestern University, Evanston, IL. NetLogo, 1999. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>>. Acesso em: 04/08/2019.