INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE PARA INTERVALO ENTRE PARTOS EN BROWN SWISS: ANALISIS BIVARIADO Y DE NORMA DE REACCIÓN.

Martinez Castillero[1], M., Tempelman[2], R., de los Campos[3], G., Vazquez[3], A.I., Toledo Alvarado[4], H., Varona[5] , L. y Cecchinato[1], A.
[1]Dipartimento di Agronomia Animali Alimenti Risorse Naturali e Ambiente, University of Padua, Legnaro (PD), Italy. [2]Department of Animal Science, y [3]Department of Epidemiology and Biostatistics, Michigan State University, East Lansing, USA. [4]Department of Genetics and Biostatistics, National Autonomous University of Mexico, Mexico City, México.[5]Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain.
mmartinezcastillero@gmail.com

INTRODUCCIÓN

La presencia de interacción genotipo-ambiente (G x E) implica que la ordenación de los candidatos a la reproducción dependa del ambiente y, por lo tanto, debe tenerse en cuenta en los procedimientos de valoración genética de reproductores. En la literatura, existen varios procedimientos para considerar la interacción G x E como los modelos multivariantes o los de norma de reacción (Standberg et al., 2000). En los modelos multivariantes, los datos se agrupan como distintos caracteres (Falconer, 1960) en función de algún parámetro ambiental (i.e. humedad), mientras que los modelos de norma de reacción, el genotipo se define como función de un gradiente ambiental (Falconer, 1990). En este trabajo se utilizan modelos bivariantes y de norma de reacción para el intervalo entre partos (CI) de la población Brown Swiss italiana. El criterio ambiental es el nivel de energía de la leche (dMEO, MJ/día) promedio por año y rebaño, que se usa para definir ambientes en función del tipo del manejo recibido por los animales.

MATERIAL Y MÉTODOS

En este estudio, se han utilizado datos procedentes de la base de datos Bolzano (Italia). En concreto se utilizaron los registros de intervalo entre partos obtenidos entre 2010 y 2017, que se filtraron del siguiente modo: animales con el primer parto registrado y procedentes de machos con al menos 5 hijas localizadas en rebaños con más de 10 registros. Además, la genealogía se expandió 3 generaciones. La base de datos final consistió en 11.425 datos, localizados en 850 rebaños y una genealogía de 28.191 animales que incluyeron 1.652 machos.

El nivel de energía (dMEO -MJ/dia-) se utilizó para definir ambientalmente a las combinaciones de año y rebaño. El dMEO se calculó teniendo en cuenta la producción de leche, grasa, proteína y porcentaje de lactosa (Stocco et al., 2017), después de corregir por orden de parto, estación, días de producción y rebaño-año. Los valores medios de dMEO para cada combinación de año y rebaño se convirtieron en polinomios de legendre (Mrode, 2016). El modelo de análisis bajo los dos modelos incluyó los efectos ambientales orden de parto, año-estación y rebaño. Los modelos resultantes fueron los siguientes. El modelo bivariado fue definido como:

$$y_{ENV} = Xb + Wh + Za + e$$

donde y_{ENV} son los vectores de fenotipos para los dos ambientes, HEL (alta energía) y LEL (baja energía); X, W, Z y b, h y a corresponden a las matrices de incidencia y vectores de los correspondientes efectos ambientales y genéticos, y . El modelo de norma de reacción fue definido como:

$$y_j = \beta_1 + b_F + W_{h_j} + A_{a_j} + A_{b_j} X_j + e_j$$

donde y_j es el vector de fenotipos de CI para la vaca j, β_1 corresponde con la covariada fija de MEO, b_F y W_{h_j} corresponde a los efectos ambientales; X_j corresponde al ambiente definido de nivel de energía y A_{b_j} corresponden al intercepto y pendiente de la norma de reacción sobre la vaca j, y e_j corresponde a los efectos residuales. Los análisis se implementaron mediante máxima verosimilitud restringida (Patterson y Thompson, 1971) mediante el programa AIREMLF90 (Misztal et al., 2015).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis bivariado se presentan en la Tabla 1 para los ambientes HEL y LEL. En general, se obtuvieron estimaciones mayores (8,3, 11,7 y 9,5%) para el LEL, aunque las estimaciones de heredabilidad fueron similares (0,054 y 0,055). Finalmente, la correlación genética entre ambientes fue 0,707.

Los resultados del modelo de norma de reacción se presentan en la tabla 2. A lo largo del gradiente ambiental desde el nivel más bajo al más alto de energía (dMEO 30-110 MJ/dia), la varianza genética se incrementa en un 33,7% (317,4 vs. 424,4) y la varianza residual se reduce en un 39,9% (6375,3 vs. 3831,5). Como consecuencia, la estimación de la heredabilidad se duplica (0,047 vs 0,100), aunque el incremento de produce sobre todo en ambientes con dMEO > 90.

Los resultados de correlación genética a lo largo del gradiente ambiental se presentan en la tabla 3. A nivel general, la correlación genética fue cercana a la unidad entre ambientes adyacentes y se redujo hasta 0,59 en los niveles de energía menores (30 MJ/dia) y mayores (110 MJ/dia).

En los dos modelos se observa como la varianza residual es mayor para los niveles más bajos de energía. Este resultado puede ser indicativo de un mejor manejo en los ambientes de alta producción. Sin embargo, los resultados de la varianza aditiva no son claros, ya que en el modelo de norma de reacción se incrementa, y con ella la heredabilidad, con los niveles de energía, mientras que en el modelo bivariante se reduce. Aparentemente, el modelo de norma de reacción proporciona una visión más profunda de la interacción genotipo-ambiente, aunque los resultados de comparación de modelo mediante el logaritmo de la verosimilitud (131194,6 vs 131197,09 para los modelos bivariados y de norma de reacción, respectivamente) y AIC (131208,60 vs. 131209,09) no con concluyentes. Por lo tanto, es necesario un análisis más profundo que incluya más categorías ambientales en el caso bivariante o definiciones más precisas del nivel de energía.

***Tabla 1**. Estimas de máxima verosimilitud restringida de los componentes de varianza para el carácter intervalo entre partos con el modelo bivariado.*

	σ_A^2	σ_{herd}^2	σ_e^2	$h^2_{(SE)}$	r
CI_HEL[1],d	285,5	490,8	4898,0	$0{,}055_{(0{,}015)}$	0,707
CI_LEL[2],d	311,5	555,5	5409,1	$0{,}054_{(0{,}006)}$	

CI_HEL[1],d = intervalo entre partos y ambiente de alta energía, CI_HEL[2],d= intervalo entre partos ambiente de baja energía

***Tabla 2**. Estimas de máxima verosimilitud restringida de los componentes de varianza para el carácter intervalo entre partos a lo largo del gradiente ambiental definido por dMEO (MJ/dia) mediante un modelo de norma de reacción.*

dMEO	σ_A^2	σ_e^2	$h^2_{(SE)}$
30	317,4	6375,3	$0{,}047_{(0{,}003)}$
40	297,3	5982,2	$0{,}047_{(0{,}003)}$
50	286,8	5613,3	$0{,}049_{(0{,}003)}$
60	285,8	5267,2	$0{,}051_{(0{,}003)}$
70	294,4	4942,4	$0{,}056_{(0{,}003)}$
80	312,6	4637,6	$0{,}063_{(0{,}003)}$
90	340,3	4351,6	$0{,}073_{(0{,}004)}$
100	377,6	4083,3	$0{,}085_{(0{,}004)}$
110	424,4	3831,5	$0{,}100_{(0{,}004)}$

Tabla 3. *Estimadores de máxima verosimilitud restringida de la correlación genética a lo largo del gradiente ambiental definido por dMEO (MJ/dia) para el carácter intervalo entre partos y mediante un modelo de norma de reacción.*

dMEO	30	40	50	60	70	80	90	100	110
30	1,00	0,99	0,97	0,93	0,88	0,81	0,74	0,67	0,59
40		1,00	0,99	0,97	0,93	0,88	0,81	0,75	0,69
50			1,00	0,99	0,97	0,93	0,88	0,83	0,77
60				1,00	0,99	0,97	0,93	0,89	0,85
70					1,00	0,99	0,97	0,94	0,91
80						1,00	0,99	0,98	0,95
90							1,00	0,99	0,98
100								1,00	0,99
110									1,00

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

•Falconer, D.S.S. 1960. Introduction to Quantitative Genetic. • Falconer, D. S. 1990. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. Genet. Res. 56: 57–70 • Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. 2015. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA, 125. • Mrode, R. A. 2016. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. 3rd edition • Strandberg, E., Kolmodin, R., & Madsen, P. 2000. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied by use of reaction norms. Interbull Bulletin 25: 41–45

Agradecimientos: Agradecemos a la “Associazione Provinciale delle Organizzazioni Zootecniche Altoatesine/Vereinigung der Südtiroler Tierzuchtverbände”, de Bolzano, Italia, por proporcionar los datos. Tambien agradecemos a la asociación italiana de ganaderos de Brown Swiss (ANARB, Verona, Italia) y a la asociación italiana de ganaderos de Simmental (ANAPRI, Udine, Italia) por facilitar los datos de pedigrí para el estudio.

GXE INTERACTION IN FERTILITY TRAIT CALVING INTERVAL IN BROWN SWISS CATTLE. BIVARIATE ANALYSIS AND LINEAR REACTION NORM.

ABSTRACT: Different environments can contribute to differential expression of polygenic effects in dairy cows, leading to re-ranking of sires across environments. For this study, genetic parameter estimation and inference of GxE was done by bivariate and linear reaction norm with heterogeneous residual variance (RN) models in Italian breed Brown Swiss for fertility trait calving interval (CI) (records from database of Alto Adige, Italy). Herd-year specific daily milk energy levels (dMEO, MJ/day) were defined as environments in terms of production management. The animal model included parity, year-season of calving and herd as non-genetic effects, analyzed by software program AIREMLF90. In bivariate model, genetic and residual effects showed a higher variation in LEL environments compared to HEL. Heritability estimates were almost the same in both environments and genetic correlation between environments was 0.707. In RN models, genetic parameter estimates and heritability increased while residual effects decreased across the environmental gradient from lowest to highest energy levels of dMEO (30-110 MJ/day). Log-likelihood test and AIC values obtained were similar for both models. In conclusion, RN models seemed to capture some interaction between GxE across the environmental gradient compared to bivariate models, which should be taken into account for breeding programs.

Keywords: GxE, fertility, reaction norm model