

Genetic parameters of growth traits in Cuban Zebu through the multi-trait animal model and reaction norm model

Parámetros genéticos de rasgos de crecimiento en el Cebú Cubano mediante modelo animal bicarácter y de norma de reacción

Yusleiby Rodríguez¹, Raquel Ponce de León and Manuel¹ Rodríguez²

¹*Instituto de Ciencia Animal, Apartado Postal 24, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba*

²*Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal de la Ganadería Tropical*

Email: yusleiby@ica.co.cu

A multi-trait animal model (15,904 data) and a reaction norm model (13,068 data) were studied, in order to estimate genetic parameters and environmental awareness of the weight at 18 months (P18) and (TDG) of Cuban Zebu during the performance test for future sires. The animals were born between 1981 and 2012 and were the offspring of 295 parents. Multi-trait animal model allowed to obtain the solutions of fixed effect of from the group of contemporaries, heritabilities and genetic tendencies of P18 and trial daily gain TDG. Later, a reaction norm model of sire type was considered, with the group of contemporaries (herd-year-three-month period of animal birth) as fix effect the effect of random regression of sire (cubic, square and linear Legendre polynomials) through an environmental gradient, expressed as solution of fix effect, so a total of 6 environmental classes were created. Estimated values of heritability, through the animal model, were 0.20 ± 0.02 and 0.28 ± 0.02 for TDG and P18, respectively, with a genetic correlation of 0.94 among them. Using the reaction norm model, the estimates varied from 0.13 ± 0.04 to 0.43 ± 0.08 , and the highest corresponded to favorable environments or positive gradients. Correlation values, very close to 1, indicate the non-existence of genotype x environment interaction in most of the cases. However, there may be correlations lower than 0.8 in the most unfavorable environment, which indicates that sires selected in favorable environments may not have the same performance after passing to unfavorable environments.

Key words: *Performance test, genetic correlation, environmental gradient*

Se estudiaron dos modelos, uno animal bicarácter (15904 datos) y otro de norma de reacción (13068 datos) para estimar los parámetros genéticos y la sensibilidad ambiental de peso a los 18 meses (P18) y ganancia diaria en prueba (GPD) del Cebú Cubano d. Los animales nacieron entre 1981 y 2012 y eran hijos de 295 padres. El modelo animal bicaracter permitió obtener las soluciones del efecto fijo del grupo de contemporáneos, las heredabilidades y tendencias genéticas de P18 y GPD Posteriormente se consideró un modelo de norma de reacción de tipo semental, con el grupo de contemporáneos (rebaño-año-trimestre de nacimiento) como efecto fijo y el efecto de la regresión aleatoria del padre (Polinomio de Legendre lineal, cuadrático y cúbico) a través de un gradiente ambiental, expresado como la solución del efecto fijo, para lo que se crearon un total de seis clases ambientales. Los valores estimados de heredabilidad mediante el modelo animal fueron de 0.20 ± 0.02 y 0.28 ± 0.02 para GPD y P18 respectivamente, con una correlación genética entre ellos de 0.94. Mediante el modelo de norma de reacción, los estimados variaron de 0.13 ± 0.04 a 0.43 ± 0.08 y los mayores correspondieron al ambiente favorables o gradientes positivos. Los valores de correlación, muy cercanos a uno indican la no existencia de interacción genotipo x ambiente en la mayoría de los casos. Sin embargo, en el ambiente más desfavorable puede manifestarse correlaciones menores que 0.8, lo que indica que los sementales seleccionados en ambientes favorables, podrían no comportarse de la misma forma al pasar a ambientes desfavorables.

Palabras clave: *Prueba de comportamiento, correlación genética, gradiente ambiental.*

Introduction

Nowadays, in Cuba, estimation of breeding value of sires is performed through a single-trait animal model that estimates the genetic value of all evaluated animals, and the bulls with the highest breeding value for liveweight at the end of the test are selected. However, the possible existence of genotype-environment interaction is not considered, despite the candidates to parents of the next generation should be evaluated and selected under conditions that may not be the same as those for exploiting their offspring. The emerging of models of random regression and reaction norm opened new possibilities for IGA evaluations. Thanks to artificial insemination, the performance of the offspring of the same bull may be compared under different environmental conditions (countries, geographic regions, even in an environmental gradient). During the last years,

Introducción

Actualmente en Cuba la estimación del valor genético de los sementales se realiza mediante un modelo animal univariado que estima el valor genético de todos los animales en prueba y se seleccionan los toros con mayores valores genéticos para el peso vivo al final de la prueba. Sin embargo, no se toma en cuenta la posible existencia de interacción genotipo-ambiente a pesar de que se evalúan y seleccionan a los candidatos a padres de la próxima generación, en condiciones que no necesariamente son las mismas en las que se explotarán sus progenies. El surgimiento de los modelos de regresión aleatoria y de normas de reacción abrieron nuevas posibilidades para las evaluaciones de IGA. Gracias a la inseminación artificial se puede comparar el comportamiento de la descendencia de un mismo toro en diferentes condiciones ambientales (países, regiones geográficas, e incluso evaluarlo a lo largo de un gradiente ambiental). En los últimos años, varios

several studies have used random regression with linear Legendre polynomials to evaluate the possible environmental awareness, relating the variation of the norm inclination coefficient as an indicator of IGA importance (Corrêa *et al.* 2009 and Pegolo 2009).

Materials and Methods

This study used records of performance test for future sires from Cuban Zebu breed, born between 1981 and 2012, in five genetic enterprises: Camilo Cienfuegos (Pinar del Río), San Juan (Matanzas), San Lino (Cienfuegos), Abra Güinía (Villa Clara), Rescate de Sanguilí (Camagüey) and Manuel Fajardo (Granma).

The values of final weight were fitted to 18 months (P18) and the variable trial daily gain (TDG) was created as the difference between final and initial weight, divided into the days that lasted the test. Two groups of contemporaries were created using the information of herd, year and three-month period of animal birth.

A multi-trait animal model was used for analyzing P18 and TDG, which considered the group of contemporaries as fix effect and the animal and error as random effects. This first file with data was composed by 15,904 observations with 580 groups of contemporaries and pedigree had a total of 40,594 observations and included 1,852 sires and 22,990 mothers.

From this first model, heritabilities and genetic correlation were obtained between both traits, as well as solutions (minimum square means for fix effect). This solution (in the case of TDG) was used for creating an environmental gradient (6 classes) for the reaction norm model, with values that varied from -330 to 390. In addition, the genetic tendencies of the two traits, analyzed in the animal model, were estimated, as the regression of the mean of breeding value of the population during the birth year.

The reaction norm model (sire type) had a pedigree file with 295 sires, 187 paternal grandparents and 86 maternal grandparents. This model considered the random regression of sire in the environmental gradient or management group and was composed by 13,068 records and 548 groups of contemporaries. Groups with less than 5 individuals were removed, as well as those parents with less than 10 kids and not represented, at least, by 3 environmental classes.

The used general model was represented as follows:

$$y_{ij} = GC_{ij} + \sum_{m=0}^{k-1} \alpha_{ij} \phi_m(GA_{ij}) + e_{ij}$$

where:

y_{ij} is the weight value of the j-th kid belonging to the i-th sire

GC_{ij} is the fix effect of the group of contemporaries

son los trabajos que utilizan la regresión aleatoria con polinomios lineales de Legendre para evaluar la posible sensibilidad ambiental, relacionando la variación del coeficiente de inclinación de la norma como indicador de la importancia de la IGA (Corrêa *et al.* 2009 y Pegolo 2009).

Materiales y Métodos

En el presente estudio se emplearon los registros de la prueba de comportamiento para futuros sementales de la raza Cebú Cubano, nacidos entre 1981 y 2012, de cinco empresas genéticas: Camilo Cienfuegos (Pinar del Río), San Juan (Matanzas), San Lino (Cienfuegos), Abra Güinía (Villa Clara), Rescate de Sanguilí (Camagüey) y Manuel Fajardo (Granma).

Primeramente se ajustaron los valores de peso final a los 18 meses (P18) y se creó la variable ganancia diaria en prueba (GPD) como la diferencia entre el peso final y el inicial, dividido entre los días de duración de la prueba. Se crearon los grupos de contemporáneos usando la información del rebaño, año y trimestre de nacimiento de los animales.

Se empleó un modelo animal bicaracter para analizar el P18 y GPD que consideró como fijo el efecto del grupo de contemporáneos y los efectos aleatorios del animal y del error. Este primer fichero de datos estuvo compuesto por 15904 observaciones con 580 grupos de contemporáneos, mientras que el pedigree, con un total de 40594 observaciones, incluyó 1852 padres y 22990 madres.

A partir de este primer modelo se obtuvieron las heredabilidades y la correlación genética entre ambos rasgos, así como las soluciones (medias de mínimos cuadrados para el efecto fijo). Esta solución (en el caso de la variable GPD) se empleó para crear el gradiente ambiental (seis clases) del modelo de norma de reacción, con valores que variaron de -330 a 390. Se estimaron además las tendencias genéticas de los dos rasgos analizados en el modelo animal, como la regresión de la media de los valores genéticos de la población en el año de nacimiento.

El modelo de norma de reacción (de tipo semental) contó con un fichero de pedigrí compuesto por 295 padres, 187 abuelos paternos y 86 abuelos maternos. Este modelo consideró la regresión aleatoria del padre en el gradiente ambiental o grupo de manejo y estuvo constituido por 13068 registros y 548 grupos de contemporáneos. Fueron eliminados aquellos grupos con menos de cinco individuos, así como los padres con menos de 10 hijos y que no estuvieran representados al menos en tres clases ambientales.

El modelo general utilizado se representa de la siguiente forma:

Donde:

y_{ij} es el valor del peso del j-ésimo hijo perteneciente al i-ésimo toro.

GC_{ij} es efecto fijo del grupo de contemporáneos

belonging to the progeny of the i -th sire

$\alpha_{ij}\emptyset_m(GA_{ij})$ represents the random regression of the i -th sire α_{ij} in the environmental group

GA_{ij} and \emptyset_m represent the coefficient of Legendre polynomial of m order

Variants were tested in the order of Legendre polynomials (linear, square and cubic). The Wombat software (Meyer 2006) was used for calculating genetic parameters, as well as the matrix of (co) variances of random regression coefficients.

Results and Discussion

Table 1 shows the goodness of fit criteria of the used models, having the multi-trait model the best fit, which is caused by the highest number of observations used in it. Within the reaction norm, there are few differences but the best fit was obtained for the Legendre polynomial of third degree.

Heritability estimates (h^2), according to the multi-

perteneciente a la progenie del i -ésimo toro.

$\alpha_{ij}\emptyset_m(GA_{ij})$ representa la regresión aleatoria del i -ésimo toro α_{ij} en el grupo ambiental

GA_{ij} y \emptyset_m representa el coeficiente del polinomio de Legendre de orden m .

Se probaron variantes en el orden de los polinomios de Legendre (lineal, cuadrático y cúbico). Se empleó el software Wombat (Meyer, 2006) para el cálculo de los parámetros genéticos, así como la matriz de (co) varianzas de los coeficientes de regresión aleatoria.

Resultados y Discusión

En la tabla 1 se muestran los criterios de bondad de ajuste de los modelos empleados, donde se observa que el modelo animal bicaracter muestra el mejor ajuste, lo cual se debe además al mayor número de observaciones empleado en el mismo. Dentro de los de norma de reacción, se aprecian muy pocas diferencias, pero el mejor ajuste se obtuvo para el polinomio de Legendre de tercer grado.

Table 1. Criteria of fit goodness of multi-trait animal model and heritabilities (diagonal), genetic correlations (above the diagonal) and phenotypic correlations (below the diagonal), with its associated standard error in each case, corresponding to the reaction norm model (P18) with Legendre polynomial of third degree.

Model	No. Parameters	Max log L	-1/2 AIC & AICC	-1/2 BIC
Multi-trait animal	6	-125459.1	-125465.1	-125490.1
Linear Norm reaction	4	-49731.5	-49735.5	-49750.4
Square Norm reaction	7	-49730.9	-49737.9	-49763.9
Cubic Norm reaction	11	-49730.6	-49741.6	-49782.5

EG	1	2	3	4	5	6
1	0.152 ± 0.064	0.853 ± 0.195	0.859 ± 0.225	0.937 ± 0.211	0.984 ± 0.200	0.956 ± 0.246
2	0.035 ± 0.011	0.176 ± 0.044	0.994 ± 0.029	0.977 ± 0.036	0.934 ± 0.080	0.893 ± 0.109
3	0.040 ± 0.010	0.051 ± 0.010	0.232 ± 0.044	0.977 ± 0.036	0.984 ± 0.016	0.917 ± 0.095
4	0.050 ± 0.012	0.055 ± 0.009	0.064 ± 0.010	0.296 ± 0.048	0.984 ± 0.016	0.917 ± 0.095
5	0.058 ± 0.014	0.063 ± 0.010	0.068 ± 0.011	0.081 ± 0.013	0.364 ± 0.064	0.955 ± 0.063
6	0.061 ± 0.016	0.063 ± 0.013	0.071 ± 0.013	0.081 ± 0.013	0.094 ± 0.016	0.428 ± 0.088

trait model, were 0.20 ± 0.02 and 0.28 ± 0.02 for TDG and P18 respectively, with a genetic correlation of 0.9413 among them, which indicates that both characters are determined by the same group of genes. Therefore, it can be selected by any of them with similar results for the genetic progress of population.

Genetic tendencies for P18 ($y = 0.404x + 0.051$, with $R^2 = 0.903$) and TDG ($y = 0.404x + 0.051$, with $R^2 = 0.903$) show a slight growth through the years for the studied traits, which indicates a low genetic progress for these traits, adding the increased generational intervals of current animal husbandry.

Using the norm reaction model, the highest h^2 estimates were obtained in the favorable environmental

Los estimados de heredabilidad (h^2) según el modelo animal bicaracter fueron de 0.20 ± 0.02 y 0.28 ± 0.02 para GPD y P18 respectivamente, con una correlación genética entre ellos de 0.9413, lo que indica que los dos caracteres están determinados por el mismo conjunto de genes, por tanto, se puede seleccionar por cualquiera de ellos con resultados similares para el progreso genético de la población.

Las tendencias genéticas para P18 ($y = 0.404x + 0.051$ con $R^2 = 0.903$) y GPD ($y = 0.404x + 0.051$, con $R^2 = 0.903$) muestran un discreto crecimiento a través de los años para los caracteres estudiados, lo que indica bajo progreso genético para estos rasgos, si se suma los elevados intervalos generacionales que se manifiestan en la ganadería actual.

extreme (figure 1). Points of minimum heritability were in the negative region of the environmental gradient (between -130 and -30), following the tendency of higher genetic variances in the positive environments. This result was obtained according to the literature for regression models with first degree polynomials (Fikse *et al.* 2003). However, it is different from that described by Pegolo (2009) for Nellore cattle in Brazil, using a similar methodology. This author found that the way of calculating environmental descriptors influenced on the estimation of genetic parameters of the analyzed population, being the models with cubic polynomials able to identify heterogeneity details among the environments, mainly the unfavorable ones.

In a previous study, Rodríguez *et al.* (2014) analyzed a similar model for final weight in this same genotype and using, as gradient, the standard mean of gain in the corresponding groups of contemporaries, considering the gradient as 18 and 8 environmental classes. In this case, the authors obtained a different performance, where the lowest values of h^2 were represented in the mean gradients.

Table 1 also shows that most of genetic correlations among the different environmental classes were

Mediante el modelo de norma de reacción los estimados de h^2 mas altos se obtuvieron en el extremo ambiental favorable (figura 1). Los puntos de heredabilidad mínima estuvieron en la región negativa del gradiente ambiental (entre -130 y -30), siguiendo la tendencia de mayores varianzas genéticas en los ambientes positivos). Este resultado estuvo en concordancia con lo que muestra la literatura para modelos de regresión con polinomios de primer grado (Fikse *et al.*, 2003). Sin embargo resulta contrario al descrito por Pegolo (2009) para ganado Nellore en Brasil y empleando una metodología semejante. Este autor encontró que la forma de cálculo de los descriptores ambientales interfirió en la estimación de los parámetros genéticos de la población analizada, siendo los modelos con polinomios cúbicos capaces de identificar detalles de heterogeneidad entre los ambientes, principalmente en los desfavorables.

En un trabajo anterior, Rodríguez *et al.* (2014) analizaron un modelo similar para el peso final en este mismo genotipo y usando como gradiente la media estandarizada de la ganancia en los correspondientes grupos de contemporáneos, considerando el gradiente como 18 y ocho clases ambientales. En este caso los autores obtuvieron un comportamiento distinto, donde los menores valores de h^2 se manifiestan en los gradientes medios.

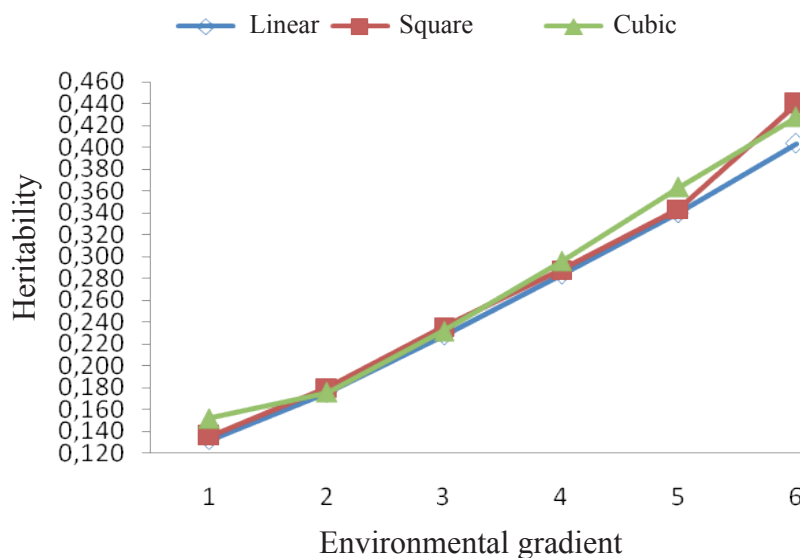


Figura 1. Estimates of heritability through the environmental gradient for the models considering the Legendre polynomial of first (◇), second (■) and third (▲) degree.

positive and had values very close to 1. The possible explanation (Falconer and Mackay 1996) is that this trait may be partially controlled by the same group of genes in each environment, and, therefore, the genetic merit is similar for all the environmental subclasses. However, it is important to highlight that the most negative extreme (class 1), taking into account the error values, could show correlations lower than 0.8, which indicates that sires selected in favorable environments may not have a similar performance in these unfavorable environments (negative

En la tabla 1 se puede apreciar además que la mayoría de las correlaciones genéticas entre las diferentes clases ambientales fueron positivas y con valores muy próximos a uno. La posible explicación (Falconer y Mackay, 1996) es que este rasgo puede estar parcialmente controlado por el mismo grupo de genes en cada ambiente y por tanto, el mérito genético es similar en las todas las subclasses ambientales. Sin embargo, resulta importante destacar que el extremo más negativo (clase uno) si se toma en cuenta los valores de los errores, pudiera manifestar correlaciones menores que 0.8, lo que indica que los sementales seleccionados en ambientes

gradients).

It is possible to carry out a process of selection by P18 or TDG in Cuban Zebu, regarding the values of obtained heritabilities, with a better fit for the multi-trait model, counting on a higher number of observations and without the restrictions of the reaction model.

This study did not show an environmental awareness among the mean and positive gradients. However, among the negative extremes and the rest, it should be considered with caution because it showed significant values.

favorables, podrían no comportarse de la misma forma en estos ambientes desfavorables (gradiente negativo).

Es posible realizar el proceso de selección por P18 o GPD en el Cebú Cubano, si se tiene en cuenta los valores de las heredabilidades obtenidas, con el mejor ajuste para el modelo bicarácter, al contar con mayor número de observaciones y sin las restricciones del modelo de norma de reacción.

En el presente estudio no se manifestó sensibilidad ambiental entre los gradientes medios y positivos. Sin embargo entre los extremos negativos y el resto debe considerarse con cautela al presentar valores significativos.

References

- Corrêa, M. B. B., Laurino, J. N. & Cardoso, F. F. 2009. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste de ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. *R. Bras. Zootec.* 38(8): 1460-1467
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman Group Ltd. Essex, England. pp. 464
- Fikse, W.F., Rekaya, R. & Weigel, K.A. 2003. Assessment of environmental descriptors for studying genotype by environment interaction. *Livestock Production Science* 82: 223–231
- Meyer, K. 2006. “WOMBAT” – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. *World Congress on genetic applied to Livestock Production*, 8, Belo Horizonte
- Pegolo, N. T. 2009. *Interação genótipo-ambiente e sensibilidade ambiental em bovinos de corte*. PhD Thesis. Departamento de Genética. Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto. Universidade de São Paulo
- Rodríguez, Y., Ponce de León, R., Tamassia, N. & Nunes, H. 2014. Influences of environmental descriptor for detect genotype by environmental interaction in Cuban Zebu population. *Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*

Received: July 10, 2015