

16º Congresso de Inovação, Ciência e Tecnologia do IFSP - 2025

IMPLICAÇÕES ECONÔMICAS DO EFEITO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE NA RECEITA DA PRODUÇÃO DE TOUROS SELECIONADOS UTILIZANDO SIMULAÇÕES COMPUTACIONAIS

JOSÉ M. L. MEDEIROS¹, LUIZ F. C. NETO², NEWTON T. PEGOLO³

¹ Graduando em Engenharia de Biossistemas, Bolsista PIBIFSP, IFSP, Câmpus Avaré, jose.medeiros@aluno.ifsp.edu.br

² Graduando em Engenharia de Biossistemas, IFSP, Câmpus Avaré, felippe.castro@aluno.ifsp.edu.br

³ Orientador Docente em Engenharia de Biossistemas, IFSP, Câmpus Avaré, newton.pegolo@ifsp.edu.br

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

RESUMO: Este trabalho analisa os efeitos econômicos da interação genótipo-ambiente (IGA) na seleção de touros reprodutores por meio de simulações computacionais. Foram comparados dois cenários: um em que a IGA é desconsiderada e outro em que é incorporada por meio de modelos de norma de reação adaptativa. Para isso, utilizaram-se dados simulados de rebanhos da raça Nelore, com base em coeficientes genéticos extraídos de matrizes de (co)variância estimadas a partir de dados reais. As populações simuladas foram submetidas a diferentes intensidades de seleção e os valores genéticos dos touros foram convertidos em valores monetários acumulados por fazenda. Os resultados demonstraram que o uso de rankings distintos por ambiente não alterou significativamente a distribuição dos ganhos econômicos entre as fazendas. Foram observados valores ligeiramente maiores de assimetria e dispersão quando a IGA foi considerada, especialmente em cenários com menor número de touros selecionados. Conclui-se que a adoção de metodologias que incorporam a IGA tornam os programas de melhoramento genético mais tecnicamente precisos, sem impactar de forma relevante a distribuição da receita entre produtores.

PALAVRAS-CHAVE: Simulação baseada em agentes; modelos de norma de reação; seleção de reprodutores; variação ambiental; avaliação genética; análise econômica.

ECONOMIC IMPLICATIONS OF GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION ON THE REVENUE FROM SELECTED BULL PRODUCTION USING COMPUTATIONAL SIMULATIONS

ABSTRACT: This study analyzes the economic effects of genotype-by-environment interaction (GEI) in the selection of breeding bulls through computer simulations. Two scenarios were compared: one in which GEI is disregarded and another in which it is incorporated through adaptive reaction norm models. Simulated data from Nelore cattle herds were used, based on genetic coefficients extracted from (co)variance matrices estimated from real data. The simulated populations were subjected to different selection intensities, and the bulls' breeding values were converted into accumulated monetary values per farm. The results showed that the use of distinct rankings by environment did not significantly change the distribution of economic gains among farms. Lightly greater asymmetry and dispersion were observed when GEI was considered, especially in scenarios with fewer selected bulls. It is concluded that the adoption of methodologies that incorporate GEI makes genetic improvement programs more technically accurate, without significantly impacting the distribution of revenue among producers.

KEYWORDS: Agent-based simulation; reaction norm models; breeder selection; environmental variation; genetic evaluation; economic analysis.

INTRODUÇÃO

A bovinocultura brasileira ocupa posição de destaque mundial, com um rebanho de 197,2 milhões de cabeças e liderança nas exportações de carne bovina (ABIEC, 2024). O melhoramento genético tem sido um dos principais responsáveis por esse avanço, permitindo identificar e selecionar animais superiores com base em predições de valores genéticos (Araújo Neto et al., 2018). No entanto, muitos programas desconsideram a interação genótipo-ambiente (IGA), que ocorre quando genótipos respondem de maneira distinta às variações ambientais (Kolmodin et al., 2003). Ignorar a IGA pode comprometer a acurácia da seleção, resultando em perdas econômicas e técnicas (Reis e Lôbo, 1991).

Modelos de norma de reação vêm sendo aplicados para incorporar a IGA nas avaliações genéticas, representando o valor genético como uma função do ambiente (Kirkpatrick e Heckman, 1989; De Jong e Bijma, 2002). Apesar do avanço metodológico, tais modelos ainda são pouco adotados comercialmente, devido à percepção de que podem prejudicar financeiramente produtores que já se beneficiam das avaliações tradicionais (Calus, Bijma e Veerkamp, 2004). Neste contexto, a hipótese central deste trabalho é que a adoção de metodologias que consideram a IGA não compromete necessariamente a rentabilidade das fazendas e pode, inclusive, contribuir para uma distribuição mais justa e tecnicamente precisa da valorização dos reprodutores. Para investigar essa hipótese, este estudo analisa as distribuições dos valores econômicos obtidos por fazendas virtuais produtoras de reprodutores bovinos em dois cenários: um em que a IGA é considerada significativa e outro em que é desconsiderada.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente estudo foi fundamentado em um levantamento bibliográfico realizado nas bases Google Scholar, SciELO e PubMed, com foco em artigos publicados nos últimos 15 anos, além de estudos clássicos sobre avaliação econômica e genética de reprodutores bovinos. Foram considerados critérios técnicos, zootécnicos e comerciais que influenciam a valoração de touros, especialmente em leilões, com destaque para características fenotípicas e genéticas associadas à precificação.

A parte experimental foi conduzida por meio de simulações computacionais baseadas em modelos de norma de reação adaptativa. Utilizou-se um software desenvolvido em NetLogo (Wilensky, 1999) pelo grupo de pesquisa do IFSP, o qual atribui a cada animal coeficientes de nível (a) e inclinação (b) da norma de reação, estimados a partir de uma matriz de (co)variância obtida via BLUPF90 com dados reais de peso ajustado aos 450 dias (P450) de rebanhos Nelore fornecidos pela ABCZ. A análise foi bivariada entre sexos, com modelo animal e variância residual heterogênea em cinco classes ambientais.

Foram geradas populações simuladas com 400 animais (200 machos e 200 fêmeas) em cada uma das duas fazendas (F1 e F2), e os touros com maiores valores genéticos foram definidos para venda como reprodutores (15 ou 30 por simulação). O valor genético de cada animal foi calculado pela equação:

$$VG_i|EG = a_i + b_i \cdot EG$$

Onde:

VG_i - valor genético do touro i ;

EG - valor ambiental simulado (-1, 0 ou +1);

a_i e b_i – valor dos coeficientes de nível e de inclinação da norma de reação do touro i .

Dois cenários foram simulados:

(i) Sem IGA: $EG = 0$; os valores genéticos foram utilizados para distribuir 100 unidades monetárias entre as duas fazendas proporcionalmente.

(ii) Com IGA: $EG = -1$ (ambiente desfavorável) e $+1$ (favorável); o mercado foi dividido simetricamente (50 u.m. por ambiente) e os touros ranqueados separadamente para cada ambiente.

Foram realizadas 100 simulações para cada situação. As distribuições dos valores acumulados por fazenda foram analisadas com base nos parâmetros de assimetria, curtose e pelo teste de Wilcoxon não paramétrico, dado o desvio de normalidade observado nas curvas. As análises estatísticas e a geração dos gráficos comparativos foram realizadas com o auxílio do software R (R Core Team, 2014).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As 100 simulações computacionais permitiram estimar a distribuição de valores monetários acumulados para cada uma das duas fazendas em dois cenários: T – tradicional e P – preciso, respectivamente sem e com a incorporação da interação genótipo-ambiente. Foram avaliadas também diferentes intensidades de oferta de touros como reprodutores no mercado (15 ou 30 touros). A Tabela 1 apresenta os parâmetros de assimetria, curtose e os valores de p-value do teste de Wilcoxon para cada combinação simulada.

Inicialmente, ficou evidente a complementaridade existente entre as curvas de distribuição de probabilidade de receita de cada uma das duas fazendas, pois o mercado definido é formado somente pelos produtos dessas duas fazendas. Assim, quando uma fazenda perdeu a posição de um touro no mercado, consequentemente a outra fazenda teve um touro classificado. Confirmou-se, desta maneira, uma simetria complementar entre essas duas distribuições resultantes. A partir disso, uma primeira análise foi realizada considerando-se os valores de assimetria e curtose, sendo verificados os desvios de normalidade das curvas de distribuição de probabilidade de receita de uma das fazendas, sendo que a outra teria curtose equivalente e assimetria oposta. Os resultados obtidos podem ser observados nas duas colunas do meio da Tabela 1.

Todas as distribuições mostraram curtose inferior a 3, o que implica que os valores se concentram fora das caudas, sendo platicúrticas. Em relação à assimetria, foram apresentados somente os valores positivos, sabendo-se que a curva de uma fazenda tem valor positivo e a outra valor negativo para esse parâmetro. Os valores diferiram de 0 em todas as cenários, sendo que essa diferença foi mais acentuada no cenário 15P. De qualquer forma, verificou-se que todas as distribuições fogem da normalidade, mas com intensidades diferentes. Por isso, preferiu-se adotar uma metodologia de comparação de medianas com o teste de Wilcoxon, que não exige normalidade para a validação das comparações. A quarta coluna da Tabela 1 apresenta os resultados de p-valor para este teste.

Os valores obtidos de p-valor mantiveram-se elevados em todos os cenários analisados, sendo que todos foram acima de 0,68. Isto implica que a negação da hipótese nula de igualdade entre as medianas das distribuições de receitas das duas fazendas comparadas tem grande probabilidade de incorrer em erro. Ou seja, há grande chance de um erro do tipo I se as medianas forem consideradas diferentes. Apesar das probabilidades desse erro terem sido maiores para o cenário 15T e menores para o cenário 30T, os p-valores obtidos não permitem a diferenciação das receitas obtidas pelas duas fazendas.

TABELA 1. Valores de assimetria e curtose considerando normalidade e valores de p-valor da comparação entre medianas de Wilcoxon entre curvas de densidade de probabilidade do valor monetário acumulado em situações de seleção de 15 ou 30 animais nos cenários tradicionais (T) ou precisos (P).

Cenário	Assimetria	Curtose	p-valor
15T	0,030	2,340	0,8652
15P	0,183	2,869	0,7872
30T	0,163	2,454	0,6895
30P	0,113	2,682	0,6986

As Figuras 1 a 4 ilustram visualmente as curvas de densidade de distribuição dos valores acumulados em cada fazenda.

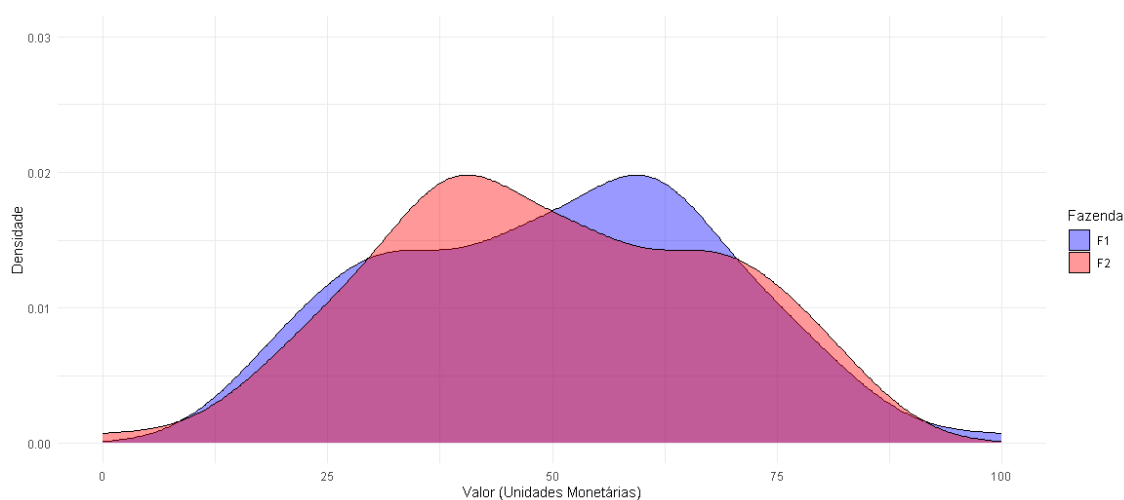


FIGURA 1. Distribuição dos valores acumulados nas fazendas F1 e F2 com seleção de 15 touros no cenário tradicional (15T).

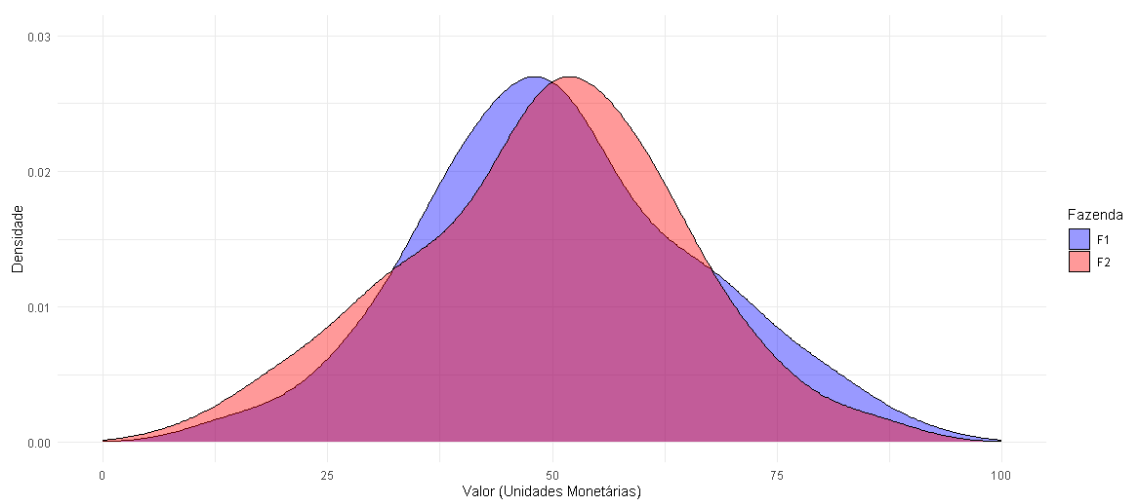


FIGURA 2. Distribuição dos valores acumulados nas fazendas F1 e F2 com seleção de 15 touros com rankings por ambiente (15P).

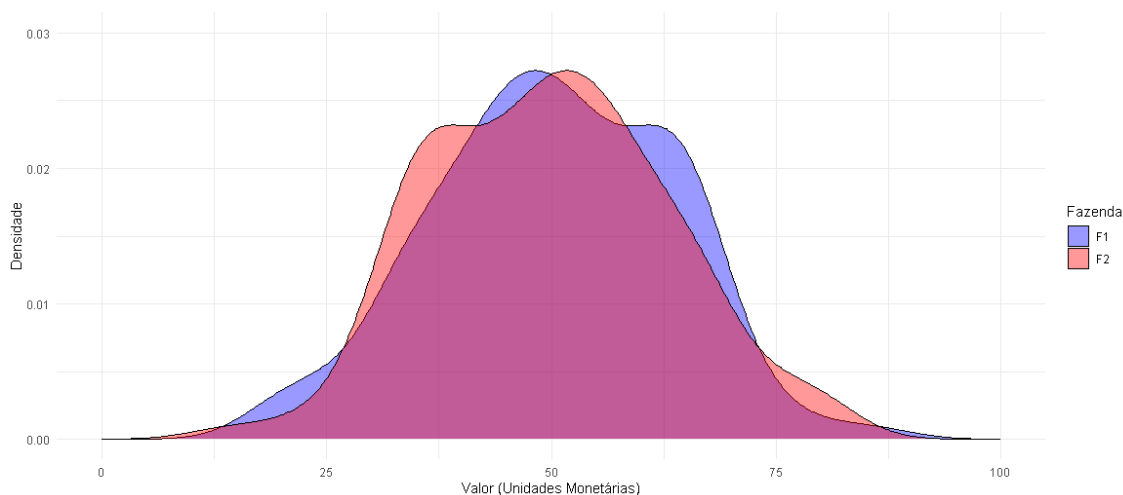


FIGURA 3. Distribuição dos valores acumulados nas fazendas F1 e F2 com seleção de 30 touros no cenário tradicional (30T).

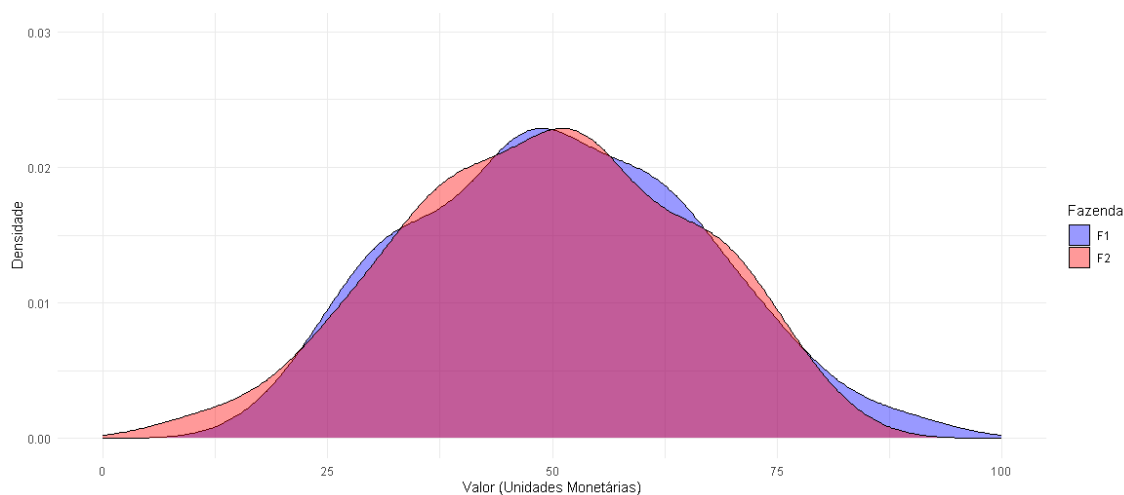


FIGURA 4. Distribuição dos valores acumulados nas fazendas F1 e F2 com seleção de 30 touros com rankings por ambiente (30P).

CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas simulações indicam que a incorporação do efeito da interação genótipo-ambiente (IGA) alterou ligeiramente a distribuição dos valores monetários acumulados por cada uma das fazendas produtoras de reprodutores, sem que as medianas tenham se diferenciado. A partir da comparação entre os dois cenários, observou-se que a quantidade de touros selecionados e a inclusão do efeito de IGA influenciou os resultados, sem ser capaz de diferenciar as medianas.

Dessa forma, os achados confirmam a hipótese de que a adoção de metodologias que consideram a IGA não devem influenciar significativamente a forma como o mercado valoriza os touros selecionados. Esses resultados reforçam a importância de se aprofundar o debate técnico e comercial sobre a incorporação da IGA em programas de melhoramento genético, buscando maior precisão na alocação de valor no mercado de reprodutores, visto que os impactos positivos da seleção de precisão não gerarão necessariamente um ônus pela perda de mercado.

CONTRIBUIÇÕES DOS AUTORES

Todos os autores contribuíram com a curadoria e análise dos dados. N.T.P. apresentou a metodologia e J.M.L.M., L.F.C.N. e N.T.P. realizaram os experimentos. Todos atuaram na redação do trabalho, contribuíram com a revisão do trabalho e aprovaram a versão submetida.

AGRADECIMENTOS

Ao PIBIFSP do IFSP, pela Bolsa de Iniciação Científica, à ABCZ, pelos dados que geraram as matrizes de covariância iniciais e ao grupo de pesquisa de Genética Multidimensional Aplicada, pelo apoio e pela estrutura computacional.

REFERÊNCIAS

ABIEC - Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne. **Beef Report**: perfil da pecuária no Brasil 2024. Disponível em: <https://www.abiec.com.br/catpub/impressos/>. Acesso em: 18 dez. 2024.

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. 939-945, 2018.

CALUS, M. P. L.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R. F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. **Genetics Selection Evolution**. v. 36, p. 489-507, 2004.

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**. v.78, n. 3, p.195-214, 2002.

KIRKPATRICK, M; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**. v. 27, p. 429-450, 1989.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; JORJANI, H.; DANELL, B. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. **Animal Science**. v. 76, p. 375-385, 2003..

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em 14 set. 2019.

REIS, J. C.; LÔBO, R. B. Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos. Ribeirão Preto: J.C.R./R. B. L., 1991, 194 p.

WILENSKY, U. NetLogo. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL. 1999. Disponível em: <<http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>>. Acesso em 14 set. 2019.