

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS JABOTICABAL**

**Interação genótipo-ambiente em características de crescimento de bovinos
da raça Nelore**

Diego Gomes Freire Guidolin

Zootecnista

Orientador: Prof. Dr. João Ademir de Oliveira

Co-Orientador Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Co-Orientadora: Dra. Claudia Cristina Paro de Paz

JABOTICABAL – SÃO PAULO

2009

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS JABOTICABAL**

**Interação genótipo-ambiente em características de crescimento de bovinos
da raça Nelore**

Diego Gomes Freire Guidolin

Zootecnista

Orientador: Prof. Dr. João Ademir de Oliveira

Co-Orientador Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Co-Orientadora: Dra. Claudia Cristina Paro de Paz

Dissertação de Mestrado apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

JABOTICABAL – SÃO PAULO

2009

G948i Guidolin, Diego Gomes Freire
Interação genótipo-ambiente em características de
crescimento de bovinos da raça Nelore/ Diego Gomes Freire
Guidolin – Jaboticabal, 2009.
xi, 47f. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2009

Orientador: João Ademir de Oliveira

Banca examinadora:, Sandra Aidar de Queiroz, Ruy
Alberto Caetano Correa Filho

Bibliografia

1. Melhoramento genético animal. 2. Interação genótipo-
ambiente. 3. Parâmetros genéticos. I. Título. II. Jaboticabal-
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636. 082: 636. 2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e
Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e
Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.
Email: dguidolin@hotmail.com

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

DIEGO GOMES FREIRE GUIDOLIN – nascido em 10 de Agosto de 1983, na cidade de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, filho de Carlos Henrique Guidolin e Edith Gomes Freire Guidolin. Iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, campus de Campo Grande, em Julho de 2001 e obteve o título de Zootecnista em Julho de 2005. Em março de 2007, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias –UNESP – Campus Jaboticabal, sob orientação do Prof. Dr. João Ademir de Oliveira e co-orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e da Pesq. Dra. Claudia Cristina Paro de Paz. Foi bolsista CAPES no período de maio de 2008 a março de 2009.

"If I have seen farther than others, it is because

I have stood on the shoulders of giants."

Sir. Isaac Newton

Ao meu pai Carlos, minha mãe Edith e meu irmão André, por toda a compreensão, paciência, carinho, amor e amizade, por estarem sempre me acompanhando, apoiando e incentivando em todos os momentos.

Ao meu avô Joaquim e minha avó Edith, por intermédio dos quais aprendi o amor pela vida no campo e que muito contribuíram para minha formação.

Ao meu avô Dercy, por ser exemplo de vida e de caráter.

Agradecimentos

Ao Prof. Dr. João Ademir de Oliveira, pelo aceite de orientação, confiança e ensinamentos.

Ao Prof. Dr. Danísio Prado Munari, por segurar a bússola, não deixando errar a direção.

A Pesq. Dra. Claudia Cristina Paro de Paz, pelo apoio e confiança depositados.

A ANCP, na pessoa do Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lobo, que cedeu os dados dos animais.

A Profa. Dra. Sandra Queiroz e ao Prof. Dr. Humberto Tonhati pelas críticas e sugestões que enriqueceram meu trabalho.

Aos Funcionários da Pós-graduação, e do Departamento de Ciências exatas, pela atenção dispensada.

Aos colegas de graduação que sempre me incentivaram, especialmente a Lu, uma das grandes responsáveis pela minha ida a Jaboticabal.

Ao amigo e colega Airon pela amizade e convivência desde os tempos de graduação.

Aos amigos de Campo Grande que sempre me apoiaram em todos os momentos.

Aos amigos que fiz em Jaboticabal, em especial ao pessoal da republica Casa Verde, as meninas da republica Zoon e ao Tico.

Aos colegas Dani, Guilherme e Marcos, companheiros de departamento, pela incalculável ajuda, disposição e pela excelente convivência.

Ao Prof. Dr. Ruy Alberto Caetano Correa Filho, pela participação na banca e pelo inestimável apoio desde a graduação.

Ao Pesq. Dr. Antônio do Nascimento Rosa, pelo incentivo, tempo e material dispostos que muito ajudaram nessa caminhada.

Enfim, a todos que de uma maneira ou de outra contribuíram para minha formação e ajudaram a me tornar uma pessoa melhor, muito obrigado.

INDICE

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
INTRODUÇÃO.....	1
REVISÃO DE LITERATURA	2
Interação genótipo-ambiente	2
Parâmetros genéticos para características de crescimento	6
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	8

CAPÍTULO 2 Interação genótipo-ambiente sobre peso corporal pós-desmama em bovinos da raça Nelore.....	12
INTRODUÇÃO.....	12
OBJETIVOS.....	13
MATERIAL E MÉTODOS.....	14
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	18
CONCLUSÃO.....	25
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	26
ANEXOS	31

INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS NELORE

RESUMO - A identificação de interação genótipo-ambiente em bovinos de corte pode auxiliar o processo de seleção, aumentando a eficiência da avaliação genética de reprodutores submetidos à ambientes distintos. Características medidas pós-desmame estão mais sujeitas aos efeitos da interação genótipo-ambiente do que na fase pré-desmame. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a existência do efeito da interação genótipo-ambiente sobre os pesos corporais aos 365 (P365), 450 (P450) e aos 550 (P550) dias de idade de bovinos Nelore criados nos estados de Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará e São Paulo. Os componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e os valores genéticos preditos foram estimados para cada característica, por estado e para o conjunto total de dados, pelo método da máxima verossimilhança restrita. Correlações de Spearman entre as classificações dos touros por estado quanto ao valor genético para cada característica ou considerando cada estado individualmente e em conjunto (todos os estados), assim como a correlação genética entre observações da mesma característica, medida em dois estados distintos foram utilizadas para avaliar o efeito da interação genótipo-ambiente sobre as características estudadas. Correlações de Spearman não significativas indicaram mudança de posição na classificação de touros e conseqüente existência de interação genótipo-ambiente. A ocorrência desta interação também foi constatada em algumas ocasiões por estimativas de correlação genética entre observações da mesma característica em estados diferentes, para P365 foi observada indícios de interação entre SP e GO (0,71), SP e MT (0,68) e também entre SP e PA (-0,11), para P450, MT e MG (-0,28), GO e PA (0,62) e SP e PA (0,66), para a característica P550, MT e MG (-0,38), MG e PA (0,73), MG e SP (-0,34) e para SP e PA (-0,86). Portanto, a seleção conduzida considerando dados obtidos em um estado poderá ser diferente daquela baseada em dados de outro estado. Assim, a organização de sumários por estado é indicada se esta for viável economicamente.

Palavras-Chave: avaliação genética, herdabilidade, parâmetros genéticos.

GENOTYPE-ENVIRONMENT INTERACTION IN POST WEANING TRAITS IN NELLORE BEEF CATTLE

SUMMARY- The properly identification of genotype-environment interaction in beef cattle herds can help the selection process and improve genetic evaluation of sires submitted in different environments. Post weaning traits may be more influenced by the genotype-environment interactions than others. So, this paper objective was verify genotype-environment interaction in, beef cattle, body weight at 365 (P365), 450 (P450) and 550 (P550) days of age in herds distributed in six Brazilian states, Goiás (GO), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), Minas Gerais (MG), Pará (PA) and São Paulo (SP). Genetic parameters, (co)variance components and genetic values were estimated for each trait, each state and for all states together, using maximum restricted likelihood method. Spearman correlations among sire's classifications due to its genetic value, for each trait, by state individually or in group (using data from all states), genetic correlation between the same trait measured in two different states were used to evaluate genetic-environment interaction over the traits studied. Non significant Spearman's correlation indicated position changes at sires classification and consequently genotype-environment interaction. This interaction occurrence was also observed between genetic correlations of the same trait measured in two different states. Genetic correlation for P365, between SP and GO states were (0, 71), SP and MT (0, 68) and also between SP and PA (-0, 11). For P450, MT and MG (-0, 28), GO and PA (0, 62) and SP and PA (0, 66). P550, MT and MG (-0, 38), MG and PA (0, 73), MG and SP (-0, 34) and SP and PA (-0, 86). There so, selection conduced considering data obtained in one state could be different than one based in others. Beef cattle summary organized by state would be indicated if this one would be economically viable.

Keywords: genetic evaluation, heritability, genetic parameters.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

Introdução

A expressão das características de importância econômica em bovinos de corte é influenciada pela composição genética do animal e pelo ambiente onde este se encontra. Um aspecto a ser considerado nos programas de melhoramento genético é se a seleção dos animais praticada em determinado ambiente resultará em progresso genético em outro tipo de ambiente.

A interação genótipo-ambiente existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados ou quando um genótipo é melhor que os demais em um ambiente e não o é em outro (FALCONER & MACKAY, 1996). Essa interação pode também provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais. Por consequência, pode resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (ALENCAR et al. 2005). Portanto, a identificação dessas interações pode contribuir para o aumento da eficiência dos programas de seleção em bovinos.

É comum em programas de avaliação genética incluir rebanhos de uma extensa área geográfica, com condições climáticas, nutricionais e de manejo muito diferentes. Assim, a presença de interação genótipo-ambiente pode resultar em mudanças das diferenças de desempenho entre animais de um ambiente de produção a outro e, em situações extremas, pode resultar em mudança de posição dos genótipos entre os ambientes (REIS & LÔBO, 1991). Segundo NOBRE et al. (1987), as progênie de um mesmo reprodutor podem não repetir o desempenho dos pais, caso sejam criadas em microrregiões ou fazendas diferentes, evidenciando a necessidade de cuidados na aquisição de reprodutores ou sêmen, em razão da existência da interação genótipo-ambiente.

Com a utilização de inseminação artificial, touros podem produzir progênes em qualquer parte do mundo. Porém, se interações genótipo-ambiente afetam características importantes em gado de corte, torna-se difícil estimar, corretamente, o valor genético de touros para todos os ambientes. Para BUCHANAN & NIELSEN (1979), a menos que um reprodutor tenha registros de progênie em muitos ambientes, efeitos de interações genótipo-ambiente poderão ser confundidos na estimativa do mérito genético.

Características de crescimento, como o peso corporal, medidas na fase inicial do desenvolvimento do animal, são importantes para eficiência econômica de qualquer sistema de produção de bovinos de corte e são recomendadas como critérios de seleção. No Brasil, o peso ao ano (365 dias), aos 15 meses (450 dias) e aos 18 meses (550 dias) são utilizados como critérios de seleção nos programas de avaliação genética. É necessário, portanto, que as mudanças genéticas observadas nessas características sejam avaliadas nos rebanhos. Esses pesos apresentam estimativas de herdabilidade de magnitude média a alta, e são positivamente correlacionados, indicando que, em geral, respondem bem à seleção e que a seleção para qualquer um deles deve provocar mudanças nos outros, na mesma direção.

Revisão de literatura

Interação genótipo-ambiente

Para a avaliação da interação genótipo-ambiente, FALCONER (1952) considerou a característica a ser avaliada em diferentes ambientes como sendo diferentes características, e estimou a correlação genética entre as mesmas. De acordo com ROBERTSON (1959), quando a correlação genética for igual a um, considera-se que não há interação genótipo-ambiente. Segundo o autor, valores

para esta correlação ao redor de 0,80 indicariam interação genótipo-ambiente de pouca importância biológica.

Outra maneira de se avaliar a presença de interação genótipo-ambiente seria formando *rankings* regionalizados de touros, com base em seus valores genéticos, e verificando a correlação de posição dos reprodutores nos diferentes ambientes, (NOBRE et al. 1987, SILVA 1990, TORAL et al. 2004 e CARVALHO et al. 2008).

Quando se realizam estudos para verificar a intensidade da interação genótipo-ambiente nas avaliações genéticas há de se ter cuidado com a base de dados utilizada. Segundo PÉGOLO (2005), com um número reduzido de dados, os ambientes envolvidos na avaliação podem ser caracterizados mais adequadamente. Estes poderão ser descritos mais especificamente para explicar a diversidade ou a similaridade das características comparadas nestes ambientes. Se o conjunto de dados é pequeno e restrito, as estimativas dos parâmetros genéticos serão pouco robustas, gerando resultados locais e pouco confiáveis. Quando se trabalha com um volume de dados bastante grande, aumenta-se a confiabilidade das análises. Porém, a definição dos ambientes onde se procura a interação também se torna ampla e difícil.

A soma de quadrados da interação genótipo-ambiente pode ser separada em dois componentes: um devido à heterogeneidade de variância genética entre os ambientes e outro devido à falta de correlação genética perfeita entre a mesma característica em dois ambientes diferentes (ROBERTSON, 1959). Interação genótipo-ambiente significativa pode ocorrer devido a um ou ambos os motivos. Heterogeneidade de variância genética causa mudança na escala (efeito de escala), mas não altera o *ranking* dos genótipos (LIN & TOGASHI, 2002). Por outro lado, correlação genética imperfeita e significativa pode resultar em reorganização da classificação dos genótipos e isso se torna uma preocupação no processo de seleção.

Resultados de pesquisas sobre os efeitos da interação genótipo-ambiente em gado de corte mostram que estes são importantes para a maioria das

características reprodutivas e produtivas, além de serem muito variados. Segundo EUCLIDES FILHO (1984), isso se deve a natureza complexa da interação, salientando que algumas características são mais suscetíveis que outras às mudanças de meio e a magnitude das diferenças entre genótipos e ambientes são difíceis de quantificar.

ALENCAR et al. (2005) detectaram interação genótipo-ambiente (semestre de nascimento), na classificação de touros Canchim para peso a desmama, peso aos 12 meses e ganho de peso diário neste período, analisando a correlação genética da mesma característica medida em ambientes diferentes. Utilizando o mesmo método, CARVALHO et al. (2008) verificaram a presença de interação genótipo-ambiente para a característica peso a desmama em animais Canchim criados em diferentes regiões do estado de São Paulo.

Estudando dados oriundos de bovinos Red Angus nos Estados Unidos, PÉGOLO (2005) verificou ocorrência de interação genótipo-ambiente no desempenho de animais nascidos em diferentes estações, para as características peso ao nascer, a desmama, aos 12 e 18 meses de idade, estimando as correlações genéticas por inferência bayesiana. MASCIOLI et al. (2006), utilizando a mesma metodologia e trabalhando com animais Canchim, também observaram evidências de interação genótipo-época de nascimento para as características estudadas, sugerindo que as avaliações genéticas e a seleção dos animais devem ser feitas considerando-se a existência dessa interação.

Em vários trabalhos, correlações genéticas entre a mesma característica medida em ambientes diferentes foram utilizadas para avaliar a interação genótipo-ambiente. TESS et al. (1984) não verificaram a presença de interação genótipo-ambiente para peso ao nascer, ganho médio diário pré-desmama e peso a desmama em rebanhos Hereford em três regiões diferentes do estado da Carolina do Norte (EUA). No estudo de peso a desmama em animais da raça Hereford criados em três países (Canadá, EUA e Uruguai), DE MATTOS et al. (2000) verificaram que o efeito da interação genótipo-país não foi estatisticamente significativo. LEE & BERTRAND (2002), avaliando ganho de peso pós-desmama

em bovinos da raça Hereford, criados em diferentes países obtiveram estimativas de correlações genéticas que variaram de 0,51 a 0,92, sendo que a interação genótipo-ambiente foi considerada quando as estimativas entre as características eram menores que 0,8. Esses resultados estão de acordo com o relatado por CARDELLINO et al. (1997). Segundo esses autores, o efeito da interação é mais importante na fase pós-desmama do que na pré-desmama, quando o desempenho do animal é mais influenciado pelo ambiente materno do que pela diferença entre outros efeitos ambientais.

Ao estudar o peso aos 365 dias de idade em animais da raça Tabapuã, criados em quatro diferentes regiões brasileiras, FRIDRICH et al. (2005) observaram a existência de interação genótipo-ambiente entre a região Nordeste e as demais (Sul, Centro-Oeste e Sudeste), verificando que os animais superiores em outros locais não o eram na região Nordeste do Brasil. Analisando dados referentes às características peso ao nascer, ganho de peso até os 18 meses e peso aos 18 meses em duas populações de bovinos da raça Africaner criados no Zimbábue e selecionados em ambientes distintos, BEFFA (2005) não verificou a existência de interação genótipo-ambiente.

CARVALHEIRO et al. (2006) encontraram evidências de interação genótipo-ambiente para a característica peso a desmama em animais cruzados, criados em diferentes latitudes. TEIXEIRA et al. (2006), analisando rebanhos Hereford, Nelore e seus cruzamentos, em relação aos pesos a desmama e ao sobreano dos animais, relataram interação genótipo-ambiente para essas características e que o desempenho de todos os grupos genéticos foi influenciado pelo efeito de região. Além disso, foi verificado que o aumento da proporção de genes zebuínos promoveu diminuição na diferença de desempenho entre as regiões.

TORAL et al. (2004) trabalhando com animais da raça Nelore, em três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul, constataram interação genótipo-ambiente para os pesos ao nascimento, a desmama, aos 12 e aos 18 meses de idade, analisando as correlações de Pearson entre os valores genéticos dos

touros em cada microrregião e de Spearman entre as classificações (com base nos valores genéticos), dos touros. Tais dados corroboram com os de NOBRE et al. (1987), que também trabalhando com animais da raça Nelore, em cinco microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul, observaram interação genótipo-ambiente para as mesmas características.

Apesar dos inúmeros trabalhos existentes sobre interação genótipo-ambiente, ainda faltam informações referentes a animais zebuínos e sobre as interações ocorridas entre esse tipo de genótipo e as condições ambientais do Brasil. Assim, faz-se necessário o conhecimento mais aprofundado dessas interações, bem como sua intensidade, devido a sua grande influência no processo de melhoramento genético animal.

Parâmetros genéticos para características de crescimento

Em sistemas de produção de gado de corte, a receita resulta principalmente da venda dos animais a desmama ou ao abate. Conseqüentemente, o ganho de peso nos períodos pré e pós-desmama são fatores determinantes da lucratividade na criação de bovinos, juntamente com o desempenho reprodutivo dos animais. Os pesos, nas mais variadas idades, são características utilizadas nos programas de avaliação genética em razão da sua importância para a eficiência da cadeia produtiva de bovinos de corte.

Em programas de melhoramento genético é de grande importância que as estimativas dos parâmetros genéticos sejam sempre atualizadas devido às mudanças ocorridas na população onde as mesmas foram estimadas. Esses parâmetros são usados nas predições de valores genéticos e da resposta à seleção, observando-se o quanto da variabilidade total, ligada à expressão de uma característica, é devido à variação genética aditiva. É necessário, portanto, que as

mudanças genéticas observadas nessas características sejam avaliadas nos rebanhos brasileiros. O parâmetro genético de maior importância para o processo de melhoramento é a herdabilidade, um parâmetro populacional essencial na avaliação genética animal e no delineamento de programas de melhoramento animal. A estimativa expressa a proporção da variância total que é atribuída às diferenças dos valores genéticos. A herdabilidade tem papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como uma referência para o valor genético.

Estimativas de valores de herdabilidade para as características peso aos 365, 450 e 550 dias de idade em bovinos de corte, são amplamente encontradas na literatura. BITTENCOURT et al. (2002) encontraram valores de herdabilidade para peso aos 365 que variaram de 0,27 a 0,48 e de 0,34 a 0,48 para peso aos 450 dias de idade em bovinos da raça Nelore. SIQUEIRA et al. (2003) encontraram valores de 0,44 e 0,49 para peso aos 450 e 550 dias de idade, respectivamente. Utilizando-se de meta-análise, envolvendo dados de 186 artigos publicados, GIANNOTTI et al. (2005) obtiveram estimativas de herdabilidade de 0,27 e 0,31 para as características peso aos 365 e 550 dias de idade.

TORAL et al. (2004) encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,35 a 0,49 para peso aos 365 dias de idade e de 0,30 a 0,45 para peso aos 550 dias em animais da raça Nelore criados em diferentes regiões do estado de Mato Grosso do Sul. Valores inferiores a esses foram encontrados por FERREIRA et al. (2001) que relataram estimativas de 0,17 para a característica peso aos 550 dias de idade em animais da raça Nelore. Estimativas com maior variação, de 0,05 a 0,51 foram reportadas por FRIDRICH et al. (2005), analisando dados de animais da raça Tabapuã aos 365 dias de idade.

Referências Bibliográficas

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

BEFFA, L.M. Genotype x environment interaction in Afrikaner cattle. 2005, 129 f. Tese (Doutorado). University of the Free State. Bloemfontein, 2005.

BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.F. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p. 303-308, 2002.

CARVALHO, F. M. ; SILVA, L. O. C. ; ALENCAR, M. M. . Interação genótipo - ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim criados em três regiões no estado de São Paulo. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008 CD-ROM.

DE MATTOS, D.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I. Investigation of genotype x environment interactions for weaning weight for Herefords in three countries. **Journal of Animal Science**, v. 78, n. 8, p.2121-2126, 2000.

EUCLIDES FILHO, K. Effects of genotype by environment interactions on beef cattle performance at two locations. 1984 96f. Tese Ph.D. Universidade da Florida, 1984.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **The American Naturalist**. v. 86, p.293-298, 1952.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburg: Longman, 1996. 464p.

FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. TORRES, R.A. Interação genótipo x ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392, 2001.

FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, L.O.C.; SAKAGUTI, E.S.; FERREIRA, I.C.; VALENTE, B.D. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57 n.5, p.663-672, 2005

GIANNOTTI, J. di G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z.; de LIMA, C.G. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.4, p.1173-1180, 2005.

LEE, D. H.; BERTRAND, J. K. Investigation of genotype x country interactions for growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.80, p.330-337, 2002.

LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. **Animal Science Journal**, v.73, n.1, p.3-11, 2002.

MASCIOLI, A. S.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.; MARTINS, E. N. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interação genótipo x ambiente em gado nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.4, p.352-363, 1987.

PÉGOLO, N. T. Interação genótipo x ambiente e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte. 2005. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2005.

REIS, J. C.; LOBO, R. B. **Interações genótipo x ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: ed. F.C.A. (FEI). 1991, 194p.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

SIQUEIRA, R.L.P.G.; OLIVEIRA, J.A.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32,n.1,p.99-105, 2003.

TEIXEIRA, R. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; DIAS, L. T. Interação genótipo x ambiente em cruzamentos de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1677-1683, 2006 (supl.).

TESS, W. K.; JESKE, K. E.; DILLARD, E.U.; ROBINSON, O. W. Sire environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.59, n.6, p. 1467-1476 1984.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. et al. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

CAPÍTULO 2 Interação genótipo-ambiente sobre peso corporal pós-desmama em bovinos da raça Nelore.

Introdução

O desempenho fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é resultante da ação do genótipo sob a influência do meio ao qual é mantido. Ao avaliar o mesmo genótipo em vários ambientes, um componente adicional, denominado interação genótipo-ambiente irá influenciar o seu fenótipo. Esta interação quantifica as diferentes respostas do genótipo diante das variações ambientais.

É comum, em programas de avaliação genética, incluir rebanhos de uma extensa área geográfica, com condições climáticas, nutricionais e de manejo muito diferentes. Assim, a presença de interação genótipo-ambiente pode resultar na mudança de diferenças entre animais de um ambiente de produção a outro e, em situações extremas, pode resultar numa mudança de posição dos genótipos entre os ambientes (REIS & LÔBO, 1991).

A mudança genética em um ambiente diferente do ambiente de seleção é proporcional à correlação genética entre os desempenhos nos dois ambientes (DICKERSON, 1962). Se a correlação genética for alta, então o desempenho em dois ambientes evidencia pouca importância da interação genótipo-ambiente, enquanto que valores baixos representam que o desempenho é diferente. Neste caso, quando as correlações genéticas não forem de alta magnitude há interação genótipo-ambiente, ou seja, a característica é controlada por conjuntos de genes parcialmente diferentes em ambientes distintos (FALCONER & MACKAY, 1996). Assim, os programas de avaliação genética devem considerar estas medidas como sendo duas características distintas.

Os resultados de pesquisas sobre os efeitos da interação genótipo-ambiente em gado de corte, indicam que estes são importantes para a maioria

das características produtivas. LEE & BERTRAND (2002) estimaram a correlação genética para ganho de peso pós-desmama em bovinos da raça Hereford, criados em diferentes países e obtiveram estimativas que variaram de 0,51 a 0,92, indicando presença de interação genótipo-ambiente entre países. Trabalhando com animais da raça Tabapuã em quatro regiões brasileiras, FRIDRICH et. al. (2005) também verificaram a ocorrência de interação genótipo-ambiente para peso aos 365 dias de idade. TORAL et al. (2004) estudaram o efeito da interação genótipo-ambiente sobre as características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados em três microrregiões homogêneas do estado do Mato Grosso do Sul. Os autores concluíram que existem evidências de interação genótipo-ambiente para os pesos aos 365 e aos 550 dias de idade, havendo possibilidade dos animais selecionados com mérito genético superior para uma região não o serem para outras.

Assim, o objetivo do presente trabalho foi verificar a ocorrência de interação genótipo-ambiente para os pesos aos 365, 450 e 550 dias de idade em bovinos da raça Nelore, criados em diferentes estados do Brasil, por meio da estimação de correlações genéticas entre registros da mesma característica medida em diferentes estados e pela classificação dos valores genéticos dos touros por estado.

Objetivos

Assim, os objetivos do presente trabalho foram, estimar os componentes de (co)variância e herdabilidades, além de verificar a existência e o efeito da interação genótipo-ambiente sobre os pesos corporais aos 365, 450 e aos 550 dias de idade de bovinos Nelore, criados em seis regiões brasileiras e suas possíveis implicações práticas em programas de melhoramento de bovinos de corte.

Material e Métodos

O presente trabalho foi realizado com dados de animais participantes do Programa NELORE-BRASIL, sob gestão da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), com sede no município de Ribeirão Preto, SP. Foram utilizados registros dos pesos, padronizados por interpolação linear pela equipe da ANCP, aos 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade de animais pertencentes a 27 rebanhos, localizados em seis estados brasileiros, oriundos de inseminação artificial ou monta natural e nascidos entre 1986 e 2006. Dos rebanhos, quatro eram localizados no estado de Goiás, cinco em Minas Gerais, cinco em Mato Grosso do Sul, quatro em Mato Grosso, sete no estado de São Paulo e dois no estado do Pará.

Fizeram parte das análises apenas animais com pai, mãe e datas de nascimentos conhecidos. Reprodutores com menos de oito filhos em cada rebanho, grupos de contemporâneos (GC) com menos de quatro observações por característica por estado e animais que morreram durante o controle zootécnico foram excluídos de todos os arquivos.

Análises pelo método dos quadrados mínimos, utilizando o procedimento GLM do programa computacional SAS (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA), auxiliaram na definição dos efeitos ambientais considerados nos modelos. Os GC foram definidos igualmente para todas as características e constituíram-se de animais pertencentes ao mesmo rebanho, sexo, lote de manejo, nascidos no mesmo ano e estação de nascimento. Definiram-se duas estações de nascimento: Águas, para animais nascidos de outubro a março e Seca, para animais nascidos de abril a setembro. A idade da mãe ao parto não afetou significativamente as características estudadas ($P > 0,05$). A normalidade dos resíduos foi verificada para cada variável. Observações cujo resíduo padronizado apresentou-se acima de 3,5 ou abaixo de -3,5 desvios-padrão foram excluídas. A matriz de parentesco foi constituída por 116.476 animais. Na Tabela 1, são relacionados o número de

observações por característica, número de touros e de vacas e número de GC por estado.

Tabela 1. Estrutura do arquivo de dados, considerando número de animais (N), touros (S), vacas (D) e grupos de contemporâneos (GC) por característica, por estado e para o conjunto geral de dados.

Característica		GO	MG	MS	MT	PA	SP	Geral
P365	N	5039	3087	6996	3128	4795	2549	27401
	S	33	32	37	32	35	29	41
	D	3402	2161	4629	2228	2435	1825	18164
	GC	179	121	157	102	64	183	872
P450	N	4666	3055	6522	2507	4066	2262	24268
	S	33	33	37	30	34	24	41
	D	3191	2102	4422	1876	2172	1631	16432
	GC	116	108	142	78	51	167	771
P550	N	2462	1719	4116	1534	1881	1552	14057
	S	28	28	34	27	31	19	41
	D	1736	1373	3134	1330	1400	1212	10874
	GC	87	83	140	54	35	123	563

P365, P450 e P550 são: Peso corporal aos 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente. GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

As estimativas dos componentes de (co)variância, dos parâmetros genéticos e valores genéticos para as características estudadas foram obtidos utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML), por meio do programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). Foram realizadas análises uni e bi-característica, cujo modelo geral incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto e o efeito fixo de GC. Ambas as análises foram utilizadas para avaliar a existência de interação genótipo-ambiente para as características estudadas nos diferentes

estados.

As análises uni e bi-característica foram conduzidas entre estados e no caso da uni-característica entre estado e o conjunto total de dados. Em seguida, os touros foram classificados com base nos seus valores genéticos para P365, P450 e P550 por estado e para o total de dados (estados em conjunto). Neste caso, a ocorrência da interação genótipo-ambiente foi avaliada por meio de estimativas de correlações de posição de Spearman entre tais classificações, utilizando o procedimento PROC CORR (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA), sendo que a hipótese de nulidade (ausência de correlação) foi testada a 5% de probabilidade. Se significativas e altas, as correlações de posição indicariam ausência de interação genótipo-ambiente.

Foram classificados de acordo com o seu valor genético, apenas reprodutores que possuíam informação de desempenho de pelo menos oito filhos em cada estado. O *ranking* de touros para P365, P450 e P550 conteve, respectivamente, 16, 14 e 9 reprodutores.

As análises bi-característica foram realizadas considerando que a mesma característica medida em dois estados seria a expressão de duas características distintas. Os efeitos da interação genótipo-ambiente foram avaliados a partir das estimativas de correlação genética entre o mesmo peso, medido em dois estados. Segundo o modelo proposto por FALCONER (1952) e, posteriormente adaptado por ROBERTSON (1959), as estimativas de correlação genética entre as produções nos diferentes meios ambientes que fossem ao redor de 0,80, indicariam que a interação genótipo-ambiente não seria biologicamente importante. Para a condução do trabalho foi estipulado que valores de correlação genética inferiores a 0,75 seriam indicativos de interação genótipo-ambiente.

O modelo misto usado para análises uni-característica foi $y = Xb + Za + e$, em que y é o vetor da variável dependente; X a matriz de incidência dos efeitos fixos, associando os elementos de b e y , b é o vetor de efeitos fixos, Z a matriz de incidência de efeitos aleatórios, associando os elementos de "a" com y , "a" é o vetor de efeitos genéticos aleatórios e "e" o vetor de efeitos residuais. O modelo

misto usado nas análises bi-característica é representado na seguinte forma matricial:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que y_1 e y_2 representam o peso corporal medido em determinada idade, em dois estados distintos e tratados como características diferentes. Os vetores de efeito fixo para a característica 1 (b_1) e 2 (b_2) são os mesmos descritos no modelo uni-característica. Os vetores a_1 e a_2 são os efeitos genéticos aditivos aleatórios, e e_1 e e_2 os efeitos residuais para a característica 1 e característica 2, respectivamente. As matrizes de incidência X_1 e X_2 associadas com elementos de b_1 e b_2 , com registros em y_1 e y_2 . As matrizes de incidência Z_1 e Z_2 , associando elementos de a_1 e a_2 com os registros em y_1 e y_2 . A esperança de y_1 foi X_1b_1 , e a esperança de y_2 era X_2b_2 ; a estrutura de variância e covariância de efeitos aleatórios do modelo animal bi-característica é:

$$Var \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a1a2} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a1a2} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

Em que σ_{a1}^2 e σ_{a2}^2 são as variâncias do efeito genético aditivo direto, σ_{e1}^2 e σ_{e2}^2 são as variâncias residuais para as características 1 e 2, respectivamente; σ_{a1a2} a covariância genética aditiva entre as características 1 e 2.

As covariâncias ambientais entre a mesma característica nos dois ambientes distintos foram consideradas como zero. O critério de convergência para a realização das análises foi estipulado em 10^{-9} .

Resultados e Discussão

As médias observadas e respectivos desvios-padrão para as características estudadas por estado estão relacionados na Tabela 2. Os resultados foram similares a outros encontrados na literatura. BITTENCOURT et al. (2002) encontraram valores de 226 kg para peso aos 365 e 264 kg para 450 dias de idade. Valores pouco inferiores foram relatados por SIQUEIRA et al. (2003), 250 kg e 293 kg para as características peso aos 455 e aos 550 dias, respectivamente. YOKOO et al. (2007), observaram médias de 250,39 kg, 298,47 kg e 347,14 kg para as características peso aos 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente.

Tabela 2. Médias observadas e respectivos desvios-padrão para peso corporal aos 365, 450 e 550 dias de idade (P365, P450 e P550, respectivamente) por estado e para o arquivo geral de dados.

Estado	P365 (kg)	P450 (kg)	P550 (kg)
GO	234,87 ± 37,58	273,52 ± 44,67	299,13 ± 43,83
MG	266,42 ± 47,02	306,26 ± 53,51	350,10 ± 65,95
MS	248,85 ± 38,43	289,03 ± 45,49	334,39 ± 54,46
MT	234,38 ± 42,48	272,80 ± 48,24	324,29 ± 53,60
PA	246,31 ± 29,79	287,50 ± 38,05	348,59 ± 53,69
SP	255,33 ± 50,32	284,59 ± 53,69	319,56 ± 59,41
GERAL	244,77 ± 41,65	284,30 ± 48,41	327,32 ± 57,15

GO = Goiás, MT = Mato Grosso, MS = Mato Grosso do Sul, MG = Minas Gerais, PA = Pará, SP = São Paulo e GERAL = Arquivo geral de dados.

As estimativas dos componentes de variância e de herdabilidade para as características estudadas, obtidas em análise uni-característica, por estado, estão relacionadas no Anexo 1. As estimativas de herdabilidade variaram de média a alta magnitude para P365 (0,20 a 0,62) e de baixa a alta para P450 e P550 (0,14 a 0,65) e (0,01 a 0,46), respectivamente. Algumas estimativas de herdabilidade

foram consideradas elevadas, o que pode ser devido ao fato de que muitas fazendas fazem seleção de seus animais ao desmame, tal como sugeriu PÉGOLO (2005). As maiores estimativas de herdabilidade foram encontradas para o estado do Pará e as menores para São Paulo. Este resultado pode estar relacionado à distribuição e quantidade de fazendas nos estados, pois em SP haviam sete fazendas distribuídas em várias regiões do estado e no Pará apenas duas, em regiões próximas. Além disso, a seleção poderia ter sido mais intensa nas fazendas do estado de São Paulo, com conseqüente diminuição da variabilidade genética aditiva naquelas características.

Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas, obtidas nas análises bi-características, (Tabela 3) mostram que estas também variaram de média a alta magnitude para P365 (0,24 a 0,62) e de baixa a alta para P450 e P550 iguais a 0,18 a 0,65 e 0,16 a 0,51, respectivamente. Valores semelhantes para peso aos 365 dias de idade foram encontrados por SILVA (1990) 0,42, TORAL et al. (2004), 0,35 a 0,49, FRIDRICH et al. (2005), 0,03 a 0,62, PÉGOLO (2005), 0,63 e ALENCAR et al. (2005), 0,36 a 0,38. Estimativas intermediárias para P450 foram relatadas por BITTENCOURT et al. (2002), SIQUEIRA et al. (2003) e por YOKOO et al. (2007) 0,34 a 0,48; 0,5 a 0,53 e 0,48, respectivamente. Em trabalhos em que foram estimadas herdabilidades para P550, foram relatadas estimativas similares com as obtidas neste estudo. FERREIRA et al. (2001) obtiveram estimativa de herdabilidade de 0,17 enquanto que TORAL et al. (2004) mencionaram valores que variaram de 0,3 a 0,45, SILVEIRA et al. (2004) de 0,44 e RIBEIRO et al. (2007) de 0,38 a 0,47.

As estimativas de herdabilidade obtidas em ambas às análises, para as características pós desmame, indicaram que estas podem ser utilizadas como critérios de seleção, pois são influenciadas por fatores genéticos aditivos e, por conseguinte, responderiam bem a seleção.

Estimativas de correlações genéticas inferiores a 0,75 (Tabela 3) entre a característica peso aos 365 dias de idade medida em ambientes diferentes foram encontradas apenas entre os estados de São Paulo e Goiás (0,71), São Paulo e

Mato Grosso (0,68) e São Paulo e Pará (-0,11). TESS et al. (1984), DE MATTOS et al. (2000) e ALENCAR et al. (2005) encontraram somente valores superiores a 0,8; não relatando a existência de interação genótipo-ambiente. Resultado oposto foi encontrado por SILVA (1990), que observou estimativa de correlação igual a -0,38. LEE & BERTRAND (2002) relataram estimativas de correlações genéticas para ganho de peso pós desmama que variaram de 0,51 a 0,92, verificando haver, em algumas das regiões estudadas, a ocorrência de interação genótipo-ambiente. Resultado semelhante foi encontrado por FRIDRICH et al. (2005) que estimaram valores que variaram de -0,86 a 1,00 para a característica peso aos 365 dias.

Para a característica peso aos 450 dias, foram encontradas neste estudo correlações genéticas inferiores a 0,75 em três análises, Goiás e Pará (0,62), Minas Gerais e Mato Grosso (-0,28) e Pará e São Paulo (0,66). Comparando com o peso aos 365 dias, houve um aumento da ocorrência da interação genótipo-ambiente entre os estados.

Foram encontradas estimativas de correlação genética para peso aos 550 dias que variaram de -0,86 a 1,00. Verificou-se interação entre os seguintes estados, Minas Gerais e Mato Grosso (-0,38), Minas Gerais e Pará (0,73), Minas Gerais e São Paulo (-0,34) e Pará e São Paulo (-0,86). FERREIRA et al (2001) encontraram correlações de 0,53 para a P550, em animais da raça Nelore, criados em duas regiões distintas do estado de Minas Gerais. Nenhum efeito de interação genótipo-ambiente para P550 foi obtido por RIBEIRO et al. (2007), trabalhando com dados de animais Nelore, em fazendas no Sudeste e Centro-Oeste do Brasil.

Tabela 3. Médias das estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para peso corporal aos 365, 450 e 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore em análises bi-característica por estado.

Característica	Estado	P365					
P365		GO	MG	MS	MT	PA	SP
	GO	0,62	0,90	0,96	1,00	0,87	0,71
	MG		0,30	0,97	1,00	0,95	0,85
	MS			0,56	0,85	0,87	0,91
	MT				0,25	0,93	0,68
	PA					0,61	-0,11
	SP						0,24
		P450					
P450		GO	MG	MS	MT	PA	SP
	GO	0,51	0,90	0,86	1,00	0,62	0,86
	MG		0,27	0,89	-0,28	0,91	0,75
	MS			0,51	0,80	0,87	0,91
	MT				0,34	0,94	0,97
	PA					0,65	0,66
	SP						0,18
		P550					
P550		GO	MG	MS	MT	PA	SP
	GO	0,33	0,90	1,00	1,00	0,84	0,96
	MG		0,27	0,77	-0,38	0,73	-0,34
	MS			0,45	0,98	0,76	0,97
	MT				0,32	1,00	1,00
	PA					0,51	-0,86
	SP						0,16

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo.

Correlações de Spearman entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para a característica peso aos 365, 450 e 550 dias de idade, em análises bi-característica, são apresentadas nas tabelas 4, 5 e 6, respectivamente.

A correlação de Spearman entre as posições dos reprodutores nos *rankings* dos seus respectivos valores genéticos para P365 foi significativa ($P < 0,05$) para os estados de MT e GO (1,00), MT e MG (1,00) e para os estados de GO e PA (0,55). Para P450 foi encontrada correlação significativa entre os estados de Pará e Mato Grosso (0,71), e Goiás e Mato Grosso (1,00) e Goiás e Pará (1,00). Quanto a P550, foram significativas as correlações entre os estados de MT e GO (1,00), MT e MS (1,00), MT e PA (1,00), MT e SP (1,00), GO e MS (1,00) e GO e PA (1,00). Esses resultados indicaram ausência de interação genótipo-ambiente nestes casos. Nos demais, houve influência do ambiente nas classificações dos reprodutores. Pode-se notar uma diminuição do efeito da interação genótipo-ambiente sobre as classificações dos reprodutores na medida em que foi aumentando a idade dos animais.

Resultados semelhantes foram mencionados em outros trabalhos. SILVA (1990) também verificou, por meio de correlações de Spearman, interação genótipo-ambiente, para P365. Para P550, em animais da raça Nelore, criados em duas regiões distintas do estado de Minas Gerais, FERREIRA et al. (2001), utilizando correlações de posição com base nos valores genéticos dos reprodutores, verificaram a existência de interação genótipo-ambiente. TORAL et al. (2004) também observaram a existência de interação genótipo-ambiente, trabalhando em três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul, e constataram interação genótipo-ambiente para os pesos ao nascimento, a desmama, aos 12 e aos 18 meses de idade, analisando as correlações de Pearson entre os valores genéticos dos touros em cada microrregião e de Spearman entre a classificação (com base nos valores genéticos), dos touros.

Comparativamente, a análise por correlação de Spearman mostrou maiores indícios de interação genótipo-ambiente entre os estados estudados do que a

análise da correlação genética entre a característica medida em dois estados diferentes. Correlações genéticas altas, que indiquem ausência de interação genótipo-ambiente, mas não sendo perfeitas (correlação igual a 1,00) podem levar a uma mudança na classificação dos animais quanto ao seu valor genético, como observado neste trabalho. Resultado diferente foi encontrado para a característica P450 entre os estados de Goiás e Pará, onde a análise da correlação genética estimou um valor de 0,62 e a correlação de Spearman foi igual a 1,00 ($P < 0,05$), evidenciando que apesar de uma correlação genética indicativa de interação, não houve qualquer alteração na posição dos reprodutores.

Tabela 4. Estimativas de correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado para a característica peso aos 365 dias de idade em análises bi-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP
GO		0,02	0,05	1,00*	0,55*	0,20
MG			0,41	1,00*	0,02	0,05
MS				0,38	0,34	0,27
MT					-0,19	0,14
PA						-0,25
SP						

$p < 0,05 = *$

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo.

Tabela 5. Estimativas de correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado para a característica peso aos 450 dias de idade em análises bi-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP
GO		-0,36	0,13	1,00*	1,00*	0,44
MG			0,33	0,64	0,45	0,36
MS				0,16	0,30	-0,02
MT					0,71*	0,31
PA						0,45
SP						

$p < 0,05 = *$

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo.

Tabela 6. Estimativas de correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado para a característica peso aos 550 dias de idade em análises bi-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP
GO		-0,17	1,00*	1,00*	1,00*	0,20
MG			-0,33	0,62	0,05	-0,03
MS				1,00*	-0,02	0,58
MT					1,00*	1,00*
PA						0,07
SP						

$p < 0,05 = *$

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo.

Foram utilizadas análises uni-característica para se verificar a presença de interação genótipo-ambiente entre estados e entre cada estado e o conjunto geral de dados. Os resultados para as características P365, P450 e P550 estão apresentados nos Anexos 2, 3 e 4, respectivamente. A correlação de Spearman entre as posições dos reprodutores nos *rankings* dos seus respectivos valores

genéticos para P365 foi não-significativa ($P > 0,05$) entre os estados estudados. Para a P450 foi encontrada correlação significativa ($P < 0,05$) apenas entre os estados de Pará e São Paulo (0.57). Para P550, foram significativas apenas as correlações entre o estado de Minas Gerais e de Mato Grosso (0.66) e de Minas Gerais com o *ranking* geral de reprodutores (0.68). Esses resultados indicam ausência de interação genótipo x ambiente apenas nesses três casos, nos demais houve influência do ambiente nas classificações dos reprodutores. Os mapas dos estados e a localização dos municípios das fazendas compreendidas neste estudo estão apresentados nos Anexos de número 5 até o de número 10.

As estimativas das correlações de Spearman encontradas foram diferentes entre as análises uni e bi-característica, sendo que isso pode ter ocorrido devido ao fato das análises uni-característica terem um *ranking* único para cada estado, enquanto que para a bi-característica haviam vários *rankings*, um para cada análise entre estados. Nos Anexos 11, 12 e 13 estão apresentadas as posições dos reprodutores em cada estado e no arquivo geral nas análises uni-característica, para P365, P450 e P550, respectivamente. Sendo que esses *rankings* podem fornecer subsídios tanto aos criadores como para o programa NELORE-BRASIL, para o processo de seleção da raça Nelore nos mais diversos ambientes

Conclusão

Os resultados deste trabalho permitiram concluir que para os pesos aos 365, 450 e 550 dias de idade em bovinos da raça Nelore foi constatada a presença de interação genótipo-ambiente nos estados estudados. Portanto, a seleção conduzida considerando dados obtidos em um estado poderá ser diferente daquela baseada em dados de outro estado. Assim, a organização de sumários por estado é indicada se esta for viável economicamente.

Referências Bibliográficas

ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

BEFFA, L.M. Genotype x environment interaction in Afrikaner cattle. 2005, 129 f. Tese (Doutorado). University of the Free State. Bloemfontein, 2005.

BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.F. Estimação de componentes de (co)variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p. 303-308, 2002.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D.; KACHMAN, S. D.; **A manual for use of MTDFREML**. Clay Center, NE: USDA-ARS, 1995, 121p.

BUCHANAN, D. S., NIELSEN, M. K. Sire by Environment Interactions in Beef Cattle Field Data. **Journal of Animal Science**, v.48, n.2, p. 307-312, 1979.

CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T.; CARDOSO, F.F. Interação genótipo-ambiente nas raças Hereford e Aberdeen Angus: DEPs nos EUA e no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997. p.190-192.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E. C. G.; CARDOSO, V.; QUEIROZ, S. A.; FRIES, L. A. Genetic effects on pre-weaning weight gain of Nelore-Hereford

calves according to different models and estimation methods. **Journal of Animal Science**, v. 84, n.11, p.2925-2933, 2006.

CARVALHO, F. M.; SILVA, L. O. C. ; ALENCAR, M. M. . Interação genótipo - ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim criados em três regiões no estado de São Paulo. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008 CD-ROM.

DE MATTOS, D.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I. Investigation of genotype x environment interactions for weaning weight for Herefords in three countries. **Journal of Animal Science**, v. 78, n. 8, p.2121-2126, 2000.

DICKERSON, G.E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, n.1, p.47-63, 1962.

EUCLIDES FILHO, K. Effects of genotype by environment interactions on beef cattle performance at two locations. 1984 96f.Tese Ph.D. Universidade da Florida, 1984.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburg: Longman, 1996. 464p.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **The American Naturalist**. v. 86, p.293-298, 1952.

FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. TORRES, R.A. Interação genótipo x ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392, 2001.

FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, L.O.C.; SAKAGUTI, E.S.; FERREIRA, I.C.; VALENTE, B.D. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57 n.5, p.663-672, 2005

GIANNOTTI, J. di G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z.; de LIMA, C.G. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.4, p.1173-1180, 2005.

LEE, D. H.; BERTRAND, J. K. Investigation of genotype x country interactions for growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.80, p.330-337, 2002.

LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. **Animal Science Journal**, v.73, n.1, p.3-11, 2002.

MASCIOLI, A. S.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.; MARTINS, E. N. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interação genótipo x ambiente em gado nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.4, p.352-363, 1987.

PÉGOLO, N. T. Interação genótipo x ambiente e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte. 2005. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2005.

REIS, J. C.; LOBO, R. B. **Interações genótipo x ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: ed. F.C.A. (FEI). 1991, 194p.

RIBEIRO, S.; ELER, J. P.; BALIEIRO, J. C. C.; DE MATTOS, E. C.; FERRAZ, J. B. S. Influência da interação genótipo-ambiente sobre características pós-desmama em bovinos da raça Nelore. **Veterinária e Zootecnia**, v.14, n.1, p.72-80, 2007.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.

SILVA, L. O. C. Tendência genética e interação genótipo x ambiente em rebanhos Nelore, criados a pasto no Brasil Central. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1990. 113f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1990.

SILVEIRA, J. C.; MCMANUS, C.; MASCIOLI, A.S.; SILVA, L.O.C.; SILVEIRA, A. C.; GARCIA, J.A.S.; LOUVANDINI, H. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho nelore no estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

SIQUEIRA, R. L. P. G.; OLIVEIRA, J. A.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32,n.1,p.99-105, 2003.

TEIXEIRA, R. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; DIAS, L. T. Interação genótipo x ambiente em cruzamentos de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1677-1683, 2006 (supl.).

TESS, W. K.; JESKE, K. E.; DILLARD, E.U.; ROBINSON, O. W. Sire environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.59, n.6, p. 1467-1476 1984.

TORAL, F. L. B.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N.; GONDO, A.; SIMONELLI, S.M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

YOKOO, M J I.; ALBUQUERQUE, L. G.; LÔBO, R. B.; SAINZ, R. D.; CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; BEZERRA, L. A. F.; ARAÚJO, F. R. da C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1761-1768, 2007.

Anexos

Anexo 1. Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_p^2), de herdabilidade (h^2) e respectivos erros-padrão (EP), obtidos em análises uni-característica, para os pesos corporais aos 365, 450 e 550 dias de idade (P365, P450 e P550, respectivamente) por estado e para o conjunto geral de dados.

Característica	Estado	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	EP
P365	GO	386,04	241,45	627,49	0,62	0,052
	MG	197,59	549,36	746,95	0,26	0,068
	MS	382,21	320,56	702,77	0,54	0,045
	MT	167,38	567,78	735,16	0,23	0,069
	PA	376,38	254,44	630,82	0,60	0,043
	SP	152,31	625,41	777,72	0,20	0,072
	Geral	380,99	327,33	708,32	0,54	0,024
P450	GO	403,65	398,20	801,85	0,50	0,058
	MG	171,01	677,44	848,45	0,20	0,063
	MS	398,12	402,44	800,56	0,50	0,047
	MT	298,05	646,15	944,20	0,32	0,079
	PA	515,88	283,63	799,51	0,65	0,048
	SP	124,82	755,14	879,96	0,14	0,070
	Geral	448,52	394,92	843,44	0,53	0,026
P550	GO	178,08	466,43	644,51	0,28	0,073
	MG	216,12	831,71	1047,83	0,21	0,083
	MS	428,81	551,06	979,87	0,44	0,065
	MT	192,10	731,90	924,00	0,21	0,096
	PA	451,88	541,92	993,80	0,45	0,095
	SP	6,97	1017,78	1027,75	0,01	0,021
	Geral	443,16	512,82	955,98	0,46	0,040

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

Anexo 2. Correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado e entre estado e todos os demais para a característica peso aos 365 dias de idade em análises uni-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP	Geral
GO		-0,02	0,13	0,07	0,20	0,18	0,46
MG			0,25	-0,01	-0,01	0,36	0,17
MS				0,07	0,20	0,18	0,46
MT					-0,23	0,31	0,45
PA						-0,25	0,12
SP							0,03

$p < 0,05 = *$

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

Anexo 3. Correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado e entre estado e todos os demais para a característica peso aos 450 dias de idade em análises uni-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP	Geral
GO		0,29	0,33	0,28	0,19	0,32	0,37
MG			0,22	0,37	-0,11	0,07	0,24
MS				0,52	0,48	0,46	-0,01
MT					-0,06	0,28	-0,13
PA						0,57*	0,33
SP							0,29

$p < 0,05 = *$

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

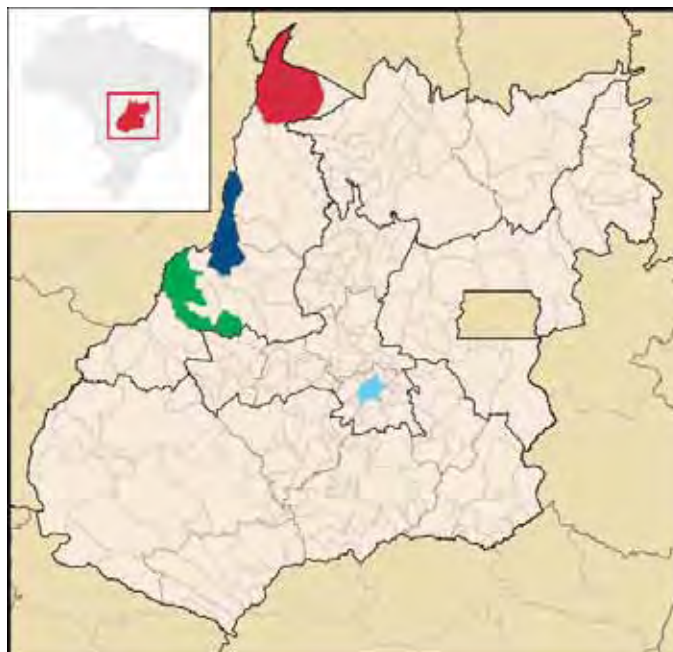
Anexo 4. Correlações de Spearman (diagonal superior) entre a classificação dos touros com base no valor genético predito para cada estado e entre estado e todos os demais para a característica peso aos 550 dias de idade em análises uni-característica.

ESTADO	GO	MG	MS	MT	PA	SP	Geral
GO		-0,35	0,23	-0,08	0,30	-0,50	0,20
MG			-0,05	0,66 *	-0,30	0,55	0,68 *
MS				-0,38	-0,03	0,18	-0,30
MT					-0,53	0,28	0,55
PA						-0,17	0,20
SP							0,20

$p < 0,05 = *$

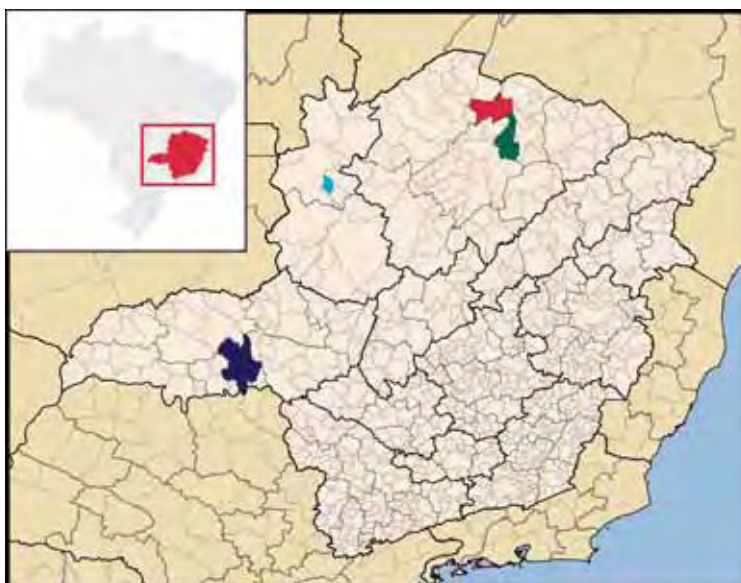
GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

Anexo 5. Mapa do estado de Goiás e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



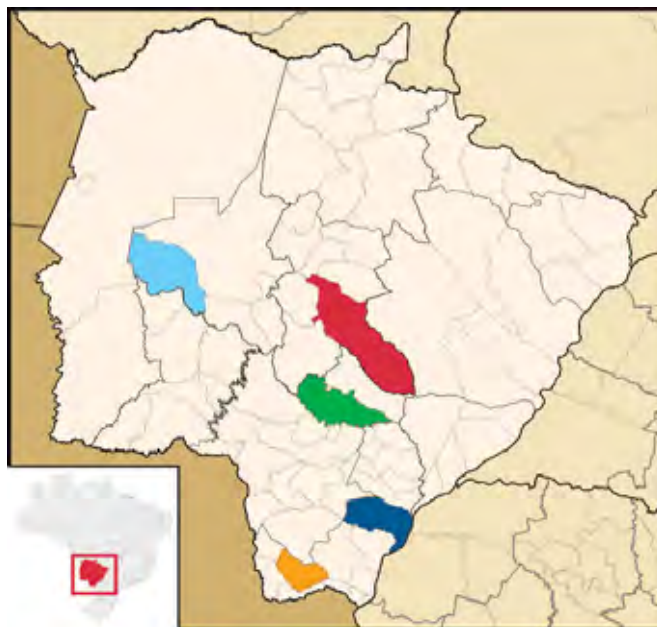
■ Goiânia, ■ São Miguel do Araguaia, ■ Jussara, ■ Aruana.

Anexo 6. Mapa do estado de Minas Gerais e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



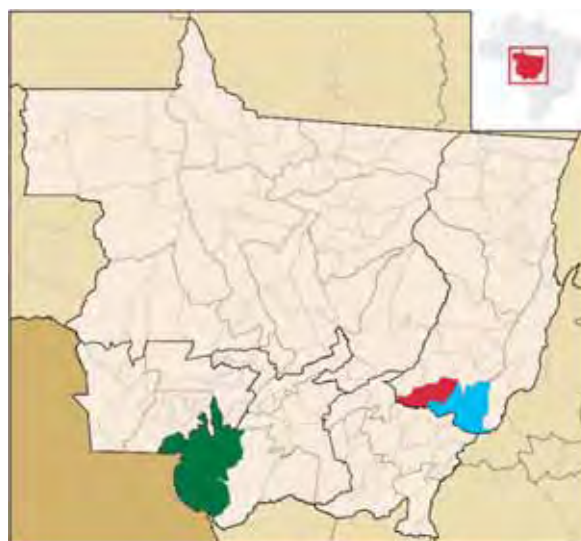
■ Jaíba, ■ Janaúba, ■ Natalândia, ■ Uberaba.

Anexo 7. Mapa do estado de Mato Grosso do Sul e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



■ Campo Grande, ■ Miranda, ■ Naviraí, ■ Rio Brilhante,
■ Tacuru.

Anexo 8. Mapa do estado de Mato Grosso e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



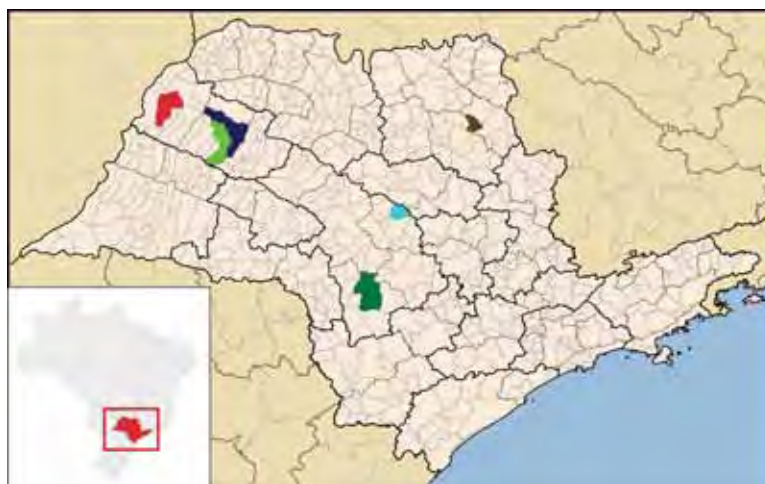
■ Cáceres, ■ Novo São Joaquim, ■ Barra do Garças.

Anexo 9. Mapa do estado do Pará e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



■ Novo Repartimento, ■ Cumaru do Norte.

Anexo 10. Mapa do estado de São Paulo e a localização dos municípios das fazendas estudadas.



■ Andradina, ■ Bocaina, ■ Avaré, ■ Araçatuba,
■ Brodowski, ■ Guararapes.

Anexo 11. Ranking dos reprodutores, pelo seu valor genético, em análises uni-característica, por estado e para o arquivo geral de dados para a característica P365.

TOUROS	ESTADOS						Geral
	GO	MG	MS	MT	PA	SP	
80285	7 ^o	5 ^o	2 ^o	2 ^o	8 ^o	1 ^o	2 ^o
79149	15 ^o	16 ^o	16 ^o	10 ^o	16 ^o	2 ^o	16 ^o
3785	8 ^o	4 ^o	9 ^o	7 ^o	2 ^o	3 ^o	6 ^o
3794	4 ^o	14 ^o	14 ^o	11 ^o	5 ^o	4 ^o	11 ^o
77788	14 ^o	1 ^o	5 ^o	1 ^o	13 ^o	5 ^o	9 ^o
79113	9 ^o	13 ^o	11 ^o	12 ^o	15 ^o	6 ^o	13 ^o
1895	10 ^o	15 ^o	12 ^o	16 ^o	14 ^o	7 ^o	14 ^o
43693	13 ^o	12 ^o	13 ^o	13 ^o	12 ^o	8 ^o	12 ^o
24531	11 ^o	7 ^o	7 ^o	9 ^o	7 ^o	9 ^o	10 ^o
43246	3 ^o	3 ^o	6 ^o	5 ^o	1 ^o	10 ^o	3 ^o
7299	6 ^o	9 ^o	8 ^o	6 ^o	4 ^o	11 ^o	8 ^o
7298	2 ^o	8 ^o	10 ^o	4 ^o	10 ^o	12 ^o	7 ^o
43677	1 ^o	2 ^o	3 ^o	3 ^o	3 ^o	13 ^o	1 ^o
79900	16 ^o	6 ^o	15 ^o	15 ^o	11 ^o	14 ^o	15 ^o
42619	12 ^o	11 ^o	4 ^o	8 ^o	9 ^o	15 ^o	4 ^o
43668	14 ^o	6 ^o	1 ^o	14 ^o	6 ^o	16 ^o	5 ^o

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

Anexo 12. Ranking dos reprodutores, pelo seu valor genético, em análises uni-característica, por estado e para o arquivo geral de dados para a característica P450.

TOUROS	ESTADOS						Geral
	GO	MG	MS	MT	PA	SP	
3785	8 ^o	4 ^o	3 ^o	4 ^o	1 ^o	1 ^o	2 ^o
43246	2 ^o	5 ^o	6 ^o	6 ^o	2 ^o	12 ^o	4 ^o
43668	3 ^o	6 ^o	1 ^o	5 ^o	3 ^o	13 ^o	1 ^o
3794	4 ^o	14 ^o	11 ^o	3 ^o	4 ^o	4 ^o	9 ^o
24531	10 ^o	7 ^o	8 ^o	9 ^o	5 ^o	6 ^o	5 ^o
77788	12 ^o	3 ^o	5 ^o	1 ^o	6 ^o	8 ^o	8 ^o
7299	6 ^o	8 ^o	4 ^o	8 ^o	7 ^o	11 ^o	7 ^o
80285	5 ^o	1 ^o	2 ^o	2 ^o	8 ^o	3 ^o	3 ^o
7298	1 ^o	10 ^o	9 ^o	7 ^o	9 ^o	9 ^o	6 ^o
43693	11 ^o	12 ^o	10 ^o	10 ^o	10 ^o	10 ^o	11 ^o
1895	9 ^o	9 ^o	7 ^o	12 ^o	11 ^o	7 ^o	10 ^o
79900	13 ^o	2 ^o	14 ^o	14 ^o	12 ^o	14 ^o	13 ^o
79113	7 ^o	11 ^o	13 ^o	11 ^o	13 ^o	5 ^o	12 ^o
79149	14 ^o	13 ^o	12 ^o	13 ^o	14 ^o	2 ^o	14 ^o

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.

Anexo 13. Ranking dos reprodutores, pelo seu valor genético, em análises uni-característica, por estado e para o arquivo geral de dados para a característica P550.

TOUROS	ESTADOS						Geral
	GO	MG	MS	MT	PA	SP	
80285	4 ^o	2 ^o	1 ^o	2 ^o	8 ^o	1 ^o	2 ^o
7298	1 ^o	1 ^o	2 ^o	6 ^o	7 ^o	8 ^o	3 ^o
7299	2 ^o	5 ^o	3 ^o	4 ^o	1 ^o	9 ^o	4 ^o
3785	3 ^o	6 ^o	4 ^o	1 ^o	2 ^o	4 ^o	1 ^o
3794	7 ^o	8 ^o	5 ^o	5 ^o	3 ^o	5 ^o	5 ^o
43693	6 ^o	7 ^o	6 ^o	7 ^o	9 ^o	7 ^o	7 ^o
1895	5 ^o	4 ^o	7 ^o	8 ^o	6 ^o	6 ^o	6 ^o
24531	8 ^o	3 ^o	8 ^o	9 ^o	5 ^o	2 ^o	8 ^o
79113	9 ^o	9 ^o	9 ^o	3 ^o	4 ^o	3 ^o	9 ^o

GO = Goiás; MG = Minas Gerais, MS = Mato Grosso do Sul, MT = Mato Grosso, PA = Pará, SP = São Paulo, Geral = Arquivo geral de dados.