

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

**INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE NO PESO AO
SOBREANO NA RAÇA NELORE**

Iara Del Pilar Solar Diaz
Zootecnista

JABOTICABAL - SP - BRASIL
2009

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

INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE NO PESO AO
SOBREANO NA RAÇA NELORE

Iara Del Pilar Solar Diaz

Orientador: **Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira**

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

JABOTICABAL – SP
Julho de 2009

D541i Diaz, Iara Del Pilar Solar
Interação genótipo – ambiente no peso ao sobreano na raça
Nelore / Iara Del Pilar Solar Diaz. – Jaboticabal, 2009
xiii, 58 f. : il. ; 28 cm

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

Orientador: Henrique Nunes de Oliveira
Banca examinadora: Lucia Galvão de Albuquerque, Maria
Eugênia Zerlotti Mercadante
Bibliografia

1. Nelore-inferência bayesiana. 2. Nelore-interação genótipo -
ambiente. 3. Nelore-modelo multicaracterística. I. Título. II.
Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

IARA DEL PILAR SOLAR DIAZ - nasceu em 30 de agosto de 1984, na cidade de São Bernardo do Campo – SP, filha de Pilar Del Carmen Diaz Moya e Guillermo Nolberto Solar Lagos. Em dezembro de 2006 obteve o título de zootecnista pela Universidade de Marília (UNIMAR) e em agosto de 2007 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus Jaboticabal – SP, como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, obtendo o grau de mestre em 22 de julho de 2009, sob orientação do Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira.

***“Confia no Deus eterno de todo o seu coração
e não se apóie apenas na sua própria inteligência.
Lembre-se de Deus em tudo o que fizer,
e ele lhe mostrará o caminho certo.”
(Provérbio 3:5-6)***

À Deus por nunca ter me abandonado

Aos meus pais, Pilar e Guillermo por serem meus pilares

Ao meu irmão, Leonardo, pela força

Ao meu namorado Clayton, pelo amor incondicional

A todos meus amigos

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus, por nunca ter me desamparado e por ter me guiado pelo caminho certo.

A minha mãe, minha vida, Pilar Del Carmen, por ser minha amiga, minha companheira, meu pilar de sustentação em momentos de angústia e por ser uma mãe maravilhosa e única.

Ao meu pai, Guillermo Nolberto, que com seu bom humor, seu afago, seus contos e seus apertos me fazia sentir única e amada. Por ser um pai presente e me dar sempre muito amor.

Ao meu namorado, Clayton, pelo seu amor incondicional, pela sua compreensão, pela sua paciência em momentos incompreensíveis e pelas muitas críticas construtivas que contribuíram muito neste projeto.

Ao meu irmão, Leonardo, que me ajudou só por ser uma pessoa determinada e forte me protegendo mesmo que de longe.

Ao meu orientador, Henrique Nunes de Oliveira por ter acreditado em mim, pelas suas palavras e sorrisos que me acalmavam quando estava inquieta e ansiosa e principalmente por ter sido uma grande fonte de inspiração e admiração nesta caminhada.

A minha tia, Lidia Diaz, que mesmo longe sempre foi minha inspiração e minha segunda mãe.

Ao meu avô e avó, Luis e Lidia, por terem me dado sempre tanto amor e por terem me mostrado através de seus filhos o que significava ser uma pessoa trabalhadora e honesta.

As minhas amigas, Amanda, Milene, Karina, Denise, Arione e Aline por saberem o verdadeiro valor de uma amizade.

Aos meus colegas de departamento, Francisco, Arione, Denise, Mônica, Marcio, Carla, Severino, Raul e Diego por sempre me ajudarem quando os importunava e aos novos colegas, Tomás, Rodrigo, Daniel e Ana Paula.

À professora Lúcia Galvão de Albuquerque, por ter cedido gentilmente a salinha para que eu pudesse desenvolver meus estudos.

À professora Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, por ter aceitado gentilmente ser parte da minha banca de qualificação e defesa.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pela bolsa concebida.

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, pelo banco de dados disponibilizados.

Meu muito obrigado a todos!

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS	11
1.1 - Introdução.....	11
1.2 - Objetivo Geral.....	14
1.3 - Revisão de Literatura.....	14
1.4 - Referências Bibliográficas	28
CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE NO PESO AO SOBREANO EM ANIMAIS NELORE EM CINCO ESTADOS BRASILEIROS.....	35
Introdução.....	36
Material e Métodos	37
Resultados e Discussão	42
Conclusões.....	54
Referências Bibliográficas	54

INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE NO PESO AO SOBREANO NA RAÇA NELORE

RESUMO- Com o objetivo de estudar a interação genótipo – ambiente (IGA) no peso ao sobreano, foram utilizados 99.366 registros provenientes de diferentes rebanhos da raça Nelore de cinco estados brasileiros (São Paulo, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás e Minas Gerais). Os dados são provenientes de animais nascidos entre 1991 a 2006 participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). As informações foram coletadas pelos próprios criadores, sendo posteriormente transferidas à Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) e então incorporadas ao banco de dados. Neste estudo foram utilizados apenas os dados dos animais criados exclusivamente a pasto. Os componentes de (co)variância foram obtidos através de uma análise unicaracterística (onde considerou-se o peso como mesma característica em todos os estados) e multicaracterística (na qual considerou-se a expressão do peso em cada estado como uma característica distinta). As estimativas foram obtidas por meio de inferência bayesiana, e o modelo de análise incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos e, como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e residual. A interação genótipo - ambiente foi verificada através da correlação genética (r_g). As interações foram consideradas importantes quando os valores de r_g ficaram abaixo de 0,80. Posteriormente, verificou-se o efeito da interação sobre a seleção considerando uma análise uni ou multicaracterística. As estimativas de herdabilidade em Mato Grosso ($0,39 \pm 0,03$) e Mato Grosso do Sul ($0,37 \pm 0,02$) foram mais baixas que as encontradas em Goiás ($0,51 \pm 0,02$), São Paulo ($0,44 \pm 0,02$) e Minas Gerais ($0,41 \pm 0,04$). As correlações genéticas estimadas entre os pesos nos diferentes estados foram positivas e de magnitude moderada (0,67 a 0,75) entre os estados de Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, indicando que a IGA foi biologicamente importante. Estes resultados evidenciam que, os animais selecionados não serão

os mesmos dependendo do estado considerado, diminuindo a resposta à seleção. Por outro lado, os valores de r_g do peso ao sobreano entre Goiás e São Paulo, Goiás e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Minas Gerais e entre São Paulo e Mato Grosso do Sul (0,82 a 0,97), sugerem que os animais selecionados serão os mesmos independentemente do estado considerado. Comparando a seleção baseada em uma análise uni, com uma análise multicaracterística, a análise uni foi menos eficiente na presença da IGA, com perdas consideráveis (de até 10%) na seleção.

Palavras-chave: bovinos de corte, correlação genética, inferência bayesiana, modelo multicaracterística, seleção

GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION IN 450 DAYS WEIGHT OF NELLORE CATTLE

ABSTRACT- The goal was to study genotype by environment interaction (GEI) for yearling weight. Records of 99,366 Nellore cattle from five Brazilian states (São Paulo, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás and Minas Gerais) were used. Animals were born between 1991 to 2006 belonging to the Nellore Cattle Breeding Program (NCBP). Information was collected by farmers then, was transferred to the National Association of Breeders and Researchers (NABR) and incorporated into the database. This study used only data from animals raised exclusively on pasture. The (co)variance components were obtained using univariate (considering record as same trait in all states) and multiple-trait models, considering record from each state as a different trait. Estimates were obtained by Bayesian inference. The model for yearling weight included genetic fixed factor of contemporary groups and random animal genetic and residual effects. The genotype environment interaction was verified by genetic correlation (r_g), where values below 0.80 indicated important interaction. Subsequently, the effect of interaction was verified on the selection considering a univariate or multiple-trait models. The direct heritability estimates of yearling weight in Mato Grosso (0.39 ± 0.03) and Mato Grosso do Sul (0.37 ± 0.02) were lower than Goiás (0.51 ± 0.02), São Paulo (0.44 ± 0.02) and Minas Gerais (0.41 ± 0.04). The across-states estimates of genetic correlations were positive and moderate (0.67 to 0.75) between the states Goiás and Mato Grosso, Goiás and Minas Gerais, São Paulo and Minas Gerais, and between Mato Grosso do Sul and Minas Gerais. These estimates indicates that genotype by environment interactions are biologically important. These results show that the animals selected will not be the same depending of the considered state, reducing the response to selection. Moreover, the values of r_g of yearling weight between Goiás and São Paulo, Goiás and Mato Grosso do Sul, Mato Grosso and São Paulo, Mato Grosso and Mato Grosso do Sul, Mato Grosso and Minas Gerais, and between São Paulo and Mato Grosso do

Sul (0.82 to 0.97), suggest that the animals selected will be the same regardless of the considered state. Comparison of selection based on genetic evaluation using a univariate model, with the analysis of multiple-trait model, showed that the selection based on univariate model was less efficient in the presence of the GEI with considerable losses (up to about 10 %) on selection

Keywords: beef cattle, bayesian inference, genetic correlation, multiple-trait model, selection

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

1.1 - Introdução

A pecuária bovina de corte é atividade de fundamental importância no agronegócio brasileiro. Segundo dados do IBGE (2009), o Brasil até 2007 contava com aproximadamente 199.752.014 milhões de cabeças, sendo que no mesmo ano foram abatidas 30,7 milhões de unidades de bovinos, um aumento marginal de 0,6% com relação ao ano de 2006 (Figura 1).

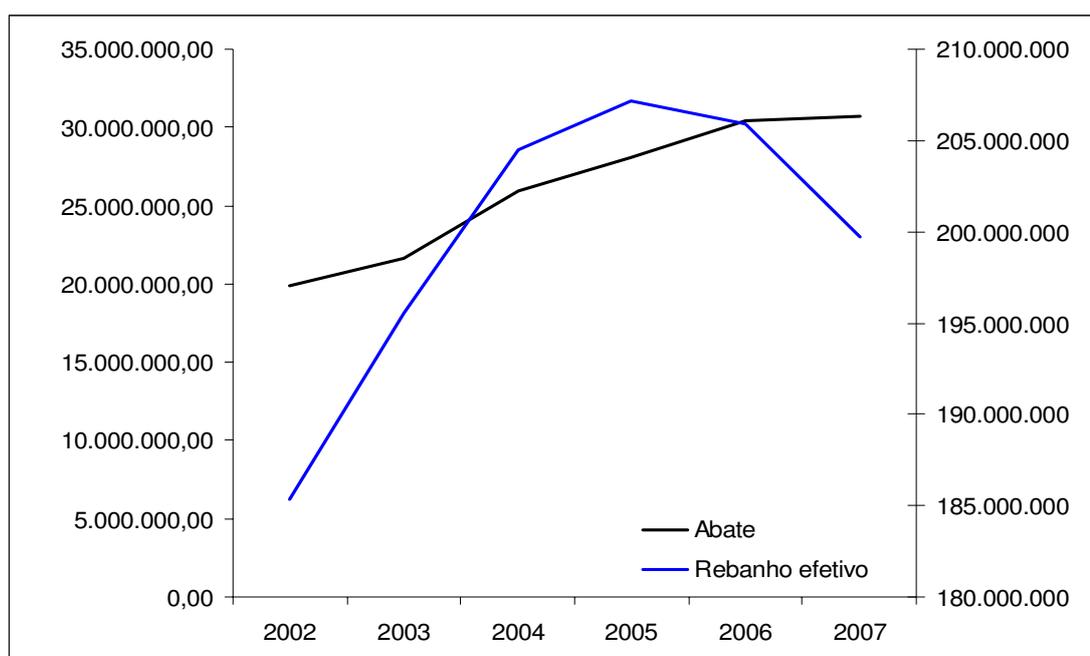


Figura 1. Rebanho efetivo e número de animais abatidos nos anos de 2002 a 2007.

Fonte: IBGE (2009)

A redução do número de animais no rebanho bovino observado desde 2005 não vem sendo acompanhada por queda no número de animais abatidos. Isso

pode significar que a produção pecuária tem sido mais eficiente. Em face desta grande produção e considerando ainda o mercado potencial brasileiro, é necessário aplicar cada vez mais tecnologias à pecuária para conquistar novos mercados consumidores, oferecendo, não só quantidade, mas também qualidade. Assim, investimentos em tecnologias são necessários para manter a pecuária de corte mais competitiva frente ao mercado nacional e internacional. Neste contexto o melhoramento como ferramenta de produção e tecnologia tem grande importância. A finalidade de um programa de melhoramento genético é utilizar a variabilidade genética da população para aumentar a produção e a produtividade dos animais, sempre procurando trabalhar com as características de importância econômica. O peso ao sobreano assume grande importância por ser a última pesagem realizada pela maioria dos criadores de rebanhos de seleção antes da venda dos reprodutores e assim, é o peso mais próximo do peso de abate e, conseqüente, o que apresenta maiores correlações com este.

O aumento do peso médio agrega valor ao rebanho e por isto, avaliar quais são os fatores que o afetam é importante. O peso ao sobreano, por ser uma característica não diretamente influenciada pelos efeitos maternos, representa melhor o ambiente de criação e os genes de efeito direto do animal. A ênfase que é dada a essas características, no entanto, deve ser ajustada, considerando-se não só situações específicas de mercado, mas também condições ecorregionais. Os recursos oferecidos por cada região precisam ser considerados nas avaliações dos animais, chegando-se a valores que melhor representam a real produção daquele animal naquele ambiente.

Há ainda controvérsias entre melhoristas sobre as condições ambientes em que devem ser criadas as progênies dos reprodutores tidos como melhoradores. Há melhoristas que recomendam que os animais devam ser selecionados nas melhores condições ambientais seguindo as idéias de HAMMOND (1947). Por outro lado, há melhoristas que recomendam que os animais devam ser testados em condições mais limitadas, mais próximas do sistema de produção predominante na região, o que concordaria com FALCONER (1952).

A IGA toma relevância consideravelmente maior com o avanço da tecnologia e da globalização. Sêmen de inúmeros touros, embriões e até mesmo animais, são distribuídos pelo mundo todo com grande rapidez, reforçando a necessidade de se conhecer se o material genético superior em determinadas condições ambientais e localização geográfica é superior em condições e localizações diferentes. O mesmo é válido para os animais selecionados em rebanhos brasileiros. No caso do Brasil, quando levamos em consideração o seu vasto território e as diferenças ambientais entre as regiões, é bem provável que estes efeitos sejam significativos. A raça Nelore, por predominar nos rebanhos brasileiros, tem participação significativa na bovinocultura de corte e qualquer ganho conseguido nas suas características de importância econômica, terá impacto na bovinocultura nacional.

Segundo MARTINS et al. (2002), a IGA pode causar heterogeneidade de variâncias e resultar em seleção equivocada de animais. ALENCAR et al. (2005) citaram que a genética e o ambiente são importantes na expressão da maioria das características econômicas em bovinos de corte e uma questão básica no melhoramento animal é se a seleção dos animais praticada em determinado ambiente resulta em progresso genético semelhante em outro tipo de ambiente.

A interação genótipo - ambiente tem sido muito estudada, tanto sob ponto de vista da evolução, quanto de produção animal. Atualmente não se procura saber se a interação genótipo - ambiente existe, já que é clara sua presença teórica, o desafio é avaliar a extensão dos genótipos e ambientes sobre os quais ela é suficientemente grande para ter importância econômica (PÉGOLO et al., 2009).

Existem várias maneiras para avaliar a IGA. Uma das mais utilizadas recentemente é aquela proposta por FALCONER (1952) sobre o uso da correlação genética entre a mesma característica em dois (ou mais) ambientes diferentes para inferir sobre a importância da IGA. ROBERTSON (1959) sugere que valores de correlação genética abaixo de 0,80 indicariam alteração importante na classificação dos animais em diferentes ambientes. Este vem sendo

considerado o limite para determinar a importância da interação genótipo - ambiente.

Determinando-se que a IGA em dada característica é biológica e economicamente importante, torna-se necessário considerá-la nos processos de avaliação genética para que se consiga maximizar o ganho em cada ambiente.

1.2 - Objetivo Geral

Os objetivos deste trabalho foram verificar a intensidade da interação genótipo – ambiente no peso ao sobreano de rebanhos de bovinos de corte da raça Nelore criados a pasto em diferentes estados do Brasil, mediante a estimação das correlações genéticas entre as medidas do peso obtidas nos vários estados, e verificar o efeito da interação sobre a seleção considerando ou não a característica como diferente nos estados avaliados.

1.3 - Revisão de Literatura

1.3.1 - Interação Genótipo - Ambiente

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de bovinos de corte em andamento no Brasil, estimam os componentes de (co)variância por máxima verossimilhança restrita (REML) em um modelo animal com predição dos valores genéticos, por meio de melhores preditores lineares não - viesados (BLUP). Nas avaliações genéticas, a pressuposição comumente assumida é a ausência de interação genótipo - ambiente, ou seja, as variâncias residuais e genéticas são consideradas constantes para todos os rebanhos participantes. São desconsideradas assim, as diferenças no comportamento de um mesmo genótipo

em diferentes níveis de produção e as variâncias particulares dos diferentes ambientes avaliados.

A definição de interação genótipo - ambiente leva em consideração a mudança do mérito relativo de dois ou mais genótipos pela mudança de ambiente no qual eles são comparados. Segundo PANI (1971) se dois genótipos em dois ambientes, apresentarem interação que determine a mudança no mérito relativo destes, esta mudança pode influir, de maneira apreciável, no resultado da seleção. Entretanto se estes mesmos genótipos não apresentarem mudança de posto, mas uma importante mudança de desempenho se notará uma diferença de herdabilidade. Esta segunda forma de interação tem relativamente menos importância do ponto de vista prático da seleção, pois os melhores animais selecionados em um ambiente continuarão a desempenhar seu melhor nos outros ambientes, independentemente da expressão diferencial dos genótipos entre ambientes.

No passado, muitas tentativas foram feitas por geneticistas, tanto de plantas como de animais, no sentido de se estabelecer uma classificação da interação genótipo - ambiente (IGA). Algumas das classificações sugeridas apresentam cunho eminentemente prático e de fácil compreensão por parte dos criadores. Outras envolvem uma compreensão estatística sofisticada e, portanto, estão fora do alcance do criador comum.

Por definição, o fenótipo de um animal é uma função de seu genótipo e do meio ($P = G + E$). Para REIS & LÔBO (1991) o fenótipo é a única informação disponível ao criador para que possa avaliar o valor genético de seus animais, quando observações e medidas são feitas no indivíduo ou em seus parentes.

O problema de avaliação seria simples se os efeitos dos genótipos e do ambiente para expressão do fenótipo fossem somente aditivos, entretanto, WRIGHT (1939) já alertava para a presença de relações não aditivas entre estes fatores na determinação do fenótipo dos animais.

Estatisticamente, as relações aditivas e não aditivas entre genótipo e ambiente são, respectivamente, expressas como linear e não linear e esta última é

referida como interação genótipo - ambiente. Assim, em estatística, a interação genótipo - ambiente é descrita como a não aditividade dos efeitos (REIS & LÔBO, 1991). Em termos práticos, na criação animal, isso significa que o efeito de um ambiente sobre dois genótipos não é o mesmo ou, em outras palavras, o efeito do genótipo não é o mesmo para dois ambientes diferentes. A existência da interação genótipo - ambiente torna estatisticamente impossível interpretar os efeitos principais do genótipo e do ambiente assim como prever o desempenho dos genótipos na mudança dos ambientes (LIN & TOGASHI, 2002).

Há várias formas de se avaliar a interação genótipo - ambiente. Uma delas foi proposta por HALDANE (1946) sendo a ordenação dos genótipos em cada um dos ambientes o método utilizado para indicar a presença de interação. A interação também pode ser avaliada pelo valor da estimativa da correlação entre valores genéticos (r_g) da mesma característica expressa em diferentes ambientes (FALCONER, 1952).

Pela definição dada por FALCONER (1952) para medir a interação genótipo - ambiente, através da correlação genética, YAMADA (1962) propôs a seguinte fórmula:

$$Rg = \frac{\sigma_{G(C,D)}}{\sqrt{\sigma_{G(C)}^2 \sigma_{G(D)}^2}} \quad [1]$$

em que: $\sigma_{G(C,D)}$ é a covariância entre o ambiente C e D.

$\sigma_{G(C)}^2$ e a $\sigma_{G(D)}^2$ representam a variância genética no ambiente C e no ambiente D, respectivamente.

ROBERTSON (1959) já havia sugerido que quando o valor desta correlação genética fosse menor que 0,8 a interação genótipo - ambiente passaria a assumir papel importante na expressão da característica. Neste contexto, correlações genéticas maiores que 0,8 indicam que a maioria dos genes responsáveis pela

expressão de uma característica está agindo de forma semelhante em dois ambientes diferentes. Correlações iguais a 1,0 indicam a não existência de interação genótipo - ambiente, ou seja, os mesmos genes agem em ambientes diferentes. Correlações menores que 0,8 indicam uma forte e importante interação genótipo – ambiente, em que a classificação dos animais pode variar entre os ambientes. Assim quando a interação é considerada importante, alguns dos genes que controlam a característica em um ambiente são diferentes daqueles que controlam a mesma característica em outro ambiente, ou seja, alguns dos genes que afetam a característica se expressam em um ambiente e não no outro.

Outras formas de avaliação foram citadas por FRIDRICH (2003):

- Experimentos com gêmeos idênticos. Em experimentos com gêmeos idênticos, um membro de cada par é colocado em um dos dois ambientes. Por meio de uma análise de variância de dois fatores é possível estimar a variância devida a herança (entre pares), ao ambiente e a variância residual, que inclui os termos interação e erro, uma vez que há somente uma observação por subclasse. O termo do erro pode ser estimado separadamente por ajuste entre membros do mesmo par de gêmeos idênticos e deduzidos da variância restante; sendo assim, obtida a estimativa do componente de interação.
 - Diferença significativa na magnitude da estimativa da herdabilidade de um caráter em dois ambientes;
 - Análise de variância das características, considerando modelos fatoriais que englobam combinações de fatores, como genótipo e como ambiente;
 - Comparação do desempenho de progênes de touros entre ambientes pelas técnicas de análise de variância;
 - Resposta correlacionada. Determina-se a resposta direta à seleção em um ambiente e a resposta correlacionada à seleção para a mesma característica em outro ambiente diferente. A razão entre as duas respostas fornece a correlação genética entre as características;
 - Normas de Reação e análises de regressão;

Em bovinos de corte, as práticas prevalentes nas fazendas não permitem um rígido controle dos efeitos ambientais, como é possível com bovinos leiteiros ou aves. Assim, efeitos de interação são possivelmente mais importantes em bovinos de corte que em outros animais domésticos. Os resultados das pesquisas sobre os efeitos da interação genótipo - ambiente em gado de corte mostram que a combinação ótima entre genótipo e ambiente é importante para a maioria das características reprodutivas e produtivas merecendo consideração maior quando se trata dos trópicos. Entre as características produtivas ganham destaque aquelas observadas na fase pós desmama como o peso ao sobreano.

1.3.2 - Resultados da literatura: peso ao sobreano

A correta identificação e controle dos fatores ambientais aumentam as estimativas de herdabilidade de uma característica podendo resultar em melhores respostas à seleção. A estimativa da herdabilidade depende diretamente das estimativas das variâncias genéticas e residuais presentes na relação, assim seu valor sofre variação conforme haja variação da relação. A heterogeneidade de variâncias residuais e genéticas é uma forma de interação genótipo - ambiente.

Diferenças de manejo, de condições climáticas, de regiões geográficas, de sanidade, de ano de nascimento, de variabilidade genética dentro do rebanho, entre outras, têm sido citadas como fontes de heterogeneidade de variâncias. Resultados de pesquisa têm mostrado que o fato de desconsiderar as diferenças de variabilidade entre rebanhos, ou mesmo entre outros níveis de estratificação dos dados adotados, tem levado a concentração de animais selecionados em rebanhos com expressão de maior variabilidade fenotípica o que reduz o ganho genético da população quando a intensidade de seleção é alta (CAMPELO et al., 2003). De acordo com HILL (1984) e VINSON (1987), o problema causado pela heterogeneidade de variância pode ser mais grave quando ocorre apenas heterogeneidade de variância residual.

A heterogeneidade de variâncias causa uma mudança em escala, mas pode não alterar a classificação dos genótipos, contudo causará uma diferença de herdabilidade. Se a mudança de desempenho for significativamente grande, irá resultar na mudança da classificação dos genótipos, sendo esta a forma mais importante de interação genótipo – ambiente do ponto de vista da seleção.

Neste contexto, muitos estudos avaliaram a influência da interação genótipo – ambiente no desempenho dos genótipos em diferentes ambientes através de estudos de heterogeneidade de variâncias e de correlações genéticas para o peso ao sobreano. A correlação genética é utilizada como uma das maneiras para se calcular a importância da presença da interação genótipo - ambiente. Como já mencionado anteriormente esta interação é avaliada através da correlação genética entre medidas de uma mesma característica em diferentes ambientes. Valores de correlação abaixo de 0,80 indicam presença de importante interação genótipo - ambiente.

CAMPELO et al. (2003) ao verificarem a influência da heterogeneidade de variâncias em características pré-desmama e pós-desmama, obtiveram estimativas de herdabilidade para o peso ao sobreano de 0,14; 0,16 e 0,18 para classes de baixo, médio e alto desvio-padrão de estratificação dos pesos nos grupos de contemporâneos. O mesmo autor encontrou valores de correlação genética baixa entre o mesmo peso nas classes concluindo que houve indícios de interação genótipo – ambiente.

BALIEIRO (2001) identificou alterações nos parâmetros genéticos de características pós-desmama atribuídos à interação genótipo x ambiente em animais da raça Nelore. MATTOS et al. (2000) e LEE & BERTRAND (2002), ao trabalharem com a raça Hereford, identificaram alterações dos componentes de (co) variância e parâmetros genéticos atribuídos à interação.

LOPES et al. (2008) encontraram para peso ao sobreano na raça Nelore, estimativas de herdabilidades variando de $0,35 \pm 0,03$ (Paraná) a $0,51 \pm 0,05$ (Rio Grande do Sul). Valores próximos foram relatados por TORAL et al. (2004), nos mesmos estados (0,35 a 0,45). FERREIRA et al. (2001) estudaram o desempenho

de bovinos Nelore nas fases pré-desmama, desmama e pós-desmama de duas fazendas de regiões distintas do estado de Minas Gerais (Sul e Noroeste) e não evidenciaram efeito da interação genótipo - ambiente até a desmama ($r_g = 0,96$), porém na pós desmama ($r_g = 0,53$) houve efeito da interação. Os autores sugerem avaliação regional para escolha de reprodutores Nelore e a utilização do peso pós-desmama como critério de seleção.

SOUZA et al. (2008) avaliaram o efeito da interação entre duas regiões do estado do Pará e do estado do Mato Grosso do Sul para características pré-desmama e pós-desmama de bovinos da raça Nelore e também encontraram interação importante apenas para as características pós-desmama.

Não houve interação evidenciada no estudo de DONOGHUE & BERTRAND (2004) ao avaliarem interação genótipo – ambiente de bovinos da raça Charolês entre os países: Austrália, Estados Unidos, Nova Zelândia e Canadá valores variando (0,88 a 0,96) para a característica peso ao sobreano. Os valores de correlação genética estimados por ESPASANDIN (2004) para bovinos da raça Angus demonstraram a ocorrência de interação genótipo - ambiente entre dois países (Brasil e Uruguai) para a característica peso à desmama (0,74).

Evidência da interação touro x rebanho foram encontradas por ELER et al. (2000) em características pré-desmama e pós-desmama de bovinos da raça Nelore criados em fazendas localizadas no Sudeste e Centro – Oeste brasileiro.

ALENCAR et al. (2005) encontraram interação genótipo x época de nascimento para características pré e pós – desmama num rebanho da raça Canchim. Da mesma forma, MASCIOLI et al. (2006) ao avaliarem a IGA nas características pré e pós-desmama para bovinos da raça Canchim encontraram evidências da interação genótipo x época de nascimento para as mesmas características.

FRIDRICH (2007) investigou o efeito da interação genótipo – ambiente através de estimativas de correlações genéticas em bovinos da raça Nelore em diversos estados brasileiros e relatou baixas estimativas de correlações genéticas,

entre fazendas de diferentes regiões, indicando a necessidade de avaliação genética regional quando se consideram regiões bastante distintas.

Os trabalhos encontrados na literatura demonstram que a interação genótipo - ambiente é complexa, já que há vários tipos de interação por consequência da existência de diversos fatores ambientais. Por causa da complexidade da interação genótipo – ambiente é impossível desenvolver uma estratégia geral para lidar com os diferentes tipos de IGA. Cada tipo de interação requer sua própria solução, dependendo da combinação dos seguintes fatores: a intensidade da interação genótipo – ambiente; o relativo peso econômico de cada ambiente na avaliação; o tamanho dos ambientes; a natureza dos ambientes; a natureza da IGA e a intensidade de seleção.

Assim, os resultados contrastantes encontrados na literatura demonstram claramente que são necessários para avaliar a ocorrência e o efeito da interação genótipo – ambiente na seleção de animais em várias regiões do país afim de obter resultados mais acurados nas avaliações genéticas e que estes sejam interpretados de região para região quando a interação genótipo - ambiente for considerada importante obtendo ganhos genéticos expressivos naquela região de avaliação.

1.3.3 - Inferência Bayesiana

Os métodos bayesianos foram introduzidos no melhoramento genético por Daniel Gianola, que através de inúmeros trabalhos realizados na década de 1990, expandiu o conceito nas diferentes áreas do melhoramento genético animal (FARIA et al., 2007a). Os fundamentos do método bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro tome determinados valores.

Por conceito, a inferência bayesiana se baseia na probabilidade condicional e conjunta representada pelo teorema de Bayes (GIANOLA & FERNANDO, 1986):

$$p(\theta | x) = \frac{p(x | \theta) \cdot p(\theta)}{p(x)} \quad [2]$$

Em que θ representa a quantidade de interesse na avaliação. O θ é também desconhecido e o objetivo é diminuir este desconhecimento. Os graus de incerteza de θ , do ponto de vista bayesiano são representados pelos modelos probabilísticos. Assim $p(\theta)$ representa a informação inicial, tipicamente não observável (densidade de probabilidade *à priori*) antes da obtenção de informações contidas em x , $p(x|\theta)$ representa o modelo probabilístico - função de verossimilhança ($L(\theta | x)$) visto como uma função de θ , com x fixo representando a contribuição de x ao conhecimento de θ , $p(x)$ representa a constante normalizadora e $p(\theta|x)$ a *posteriori* a qual inclui o grau de conhecimento prévio sobre θ “atualizado por informações adicionais” contidas em x (VÁZQUEZ & MARTEL, 2000).

Sobre *à posteriori* são realizadas as inferências sobre determinado parâmetro de interesse, através da determinação de estimadores pontuais (média, mediana e moda) e intervalares (intervalos de credibilidade bayesiano e de alta densidade). Como a constante normalizadora não depende de θ , ela pode ser omitida (GELMAN et al., 2004). Assim, a igualdade torna-se uma proporcionalidade chamada de densidade *a posteriori* não normalizada:

$$p(\theta | x) \propto p(x | \theta) \cdot p(\theta) \quad [3]$$

Esta forma mais simples do modelo [3] é usada na estimação de parâmetros. Entretanto, para a seleção de modelos, a constante normalizadora tem um papel

crucial (EHLERS, 2007). Neste contexto FARIA et al. (2007b) comentam que na inferência bayesiana a seleção de modelos, a serem utilizados em uma análise, têm uma grande flexibilidade, assim como as inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados. As estimativas de erro podem ser menores para os componentes de (co)variância *à posteriori*, em virtude da influência da distribuição *a priori*. A análise permite também obter, além das estimativas, o intervalo de credibilidade para a distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância quando o arquivo de dados é muito grande e os modelos são bastante complexos (VAN TASSELL et al., 1995; VAN TASSELL & VAN VLECK, 1996).

Cada pesquisador possui seu grau de incerteza em relação à θ , especificando modelos distintos para cada situação, sendo assim, tanto os valores observados quanto os parâmetros do modelo estatístico, considerados aleatórios, podem assumir qualquer valor. Para RESENDE et al. (2001) e TORRES et al. (2007) uma das principais características da metodologia Bayesiana, que a diferencia da clássica, é a abordagem no momento de se fazer inferência estatística sobre os parâmetros, a partir de uma amostra. Nos procedimentos freqüentistas assume-se que os parâmetros do modelo probabilístico são valores fixos ou constantes, embora desconhecidos, podendo existir vários estimadores. Na técnica Bayesiana, todavia, os parâmetros são vistos como variáveis aleatórias existindo, a princípio, um único estimador o qual conduz a estimativas que maximizam uma função densidade de probabilidade *a posteriori*.

Os conceitos de *priori* e *posteriori*, são relativos àquela observação que está sendo considerada no momento. Quando, por exemplo, queremos a previsão de y (não observado) já com x observado e os dois associados à θ , teremos a seguinte igualdade:

$$\begin{aligned} p(y|x) &= \int p(y, \theta | x) = \int p(y | \theta, x) p(\theta | x) d\theta \\ &= \int p(y | \theta) p(\theta | x) d\theta \end{aligned} \quad [4]$$

A última igualdade de [4] se deve a independência de x e y em θ , chamada de independência condicional. Podemos ver que $p(\theta|x)$ é a *posteriori* de θ em relação à x , mas é a *priori* de θ em relação à y .

A definição da *priori* torna-se então, importante quando sabemos que a *posteriori* é dependente da verossimilhança e da *priori* fornecida. Para medir a informação relativa contida na *priori* com respeito à informação total, usa-se o que se chama de precisão definido com o inverso da variância. Seguindo o teorema, a precisão da *posteriori* é a soma das precisões *a priori* e da verossimilhança (EHLERS, 2007). Deste modo, a distribuição *a posteriori* contempla o grau de conhecimento prévio sobre o parâmetro $p(\theta)$ e também as informações adicionais propiciadas pelo experimento $p(x|\theta)$ (RESENDE, 2000).

Como comentado por GIANOLA & FERNANDO (1986) e CARNEIRO JUNIOR et al. (2005) a influência do volume de dados, sobre a ponderação da informação *a priori* e da verossimilhança na determinação da *posteriori* toma grande relevância. Em geral, atribui-se uma maior importância a primeira quando a quantidade (n) de dados experimentais atuais é pequena. À medida que o tamanho da amostra aumenta a $p(\theta|x)$ tende a se assemelhar a distribuição representada pela verossimilhança. Quando a distribuição dos dados x , não depende só de um conjunto de parâmetros de interesse θ_1 , mas também de outros parâmetros incidentais (θ_2), obtêm-se a seguinte distribuição posterior conjunta $p(\theta_1, \theta_2 | x)$:

$$p(\theta_1, \theta_2 | x) \propto p(x | \theta_1, \theta_2) p(\theta_1, \theta_2) \quad [5]$$

Onde $p(\theta_1, \theta_2 | x)$ é a densidade posterior conjunta de probabilidade de θ_1 e θ_2 .

Inferências e obtenção de estimativas envolvendo θ_1 são geralmente realizadas com base na distribuição posterior marginal de θ_1 :

$$p(\theta_1 | x) = \int_2 p(\theta_1, \theta_2 | x) d\theta_2 \quad [6]$$

Como pode ser observada em [6], a distribuição marginal posterior é uma média ponderada da distribuição condicional de θ_1 dado θ_2 .

Uma das maiores dificuldades técnicas da implementação dos métodos bayesianos, são as muitas integrais múltiplas envolvidas no processo que devem ser resolvidas a fim de se obter as distribuições posteriores marginais utilizadas para se obter a inferência bayesiana completa, isto porque o método bayesiano concentra a inferência em um parâmetro de interesse, pela integral de todos os outros parâmetros desconhecidos (BLASCO, 2005).

Entretanto, como comentado por BLASCO em 2001, recentemente quando os métodos de Monte-Carlo baseados em cadeias de Markov (MCMC) foram aplicados a fim de estimar distribuições marginais posteriores, os problemas computacionais, envolvendo as integrais, foram resolvidos e o interesse em métodos bayesianos foi renovado. Dentre estes métodos se destaca a amostragem de Gibbs.

1.3.3.1 - Algoritmo de Amostragem de Gibbs (Gibbs sampling)

Segundo (GEMAN & GEMAN, 1984), a amostragem de Gibbs, é um método numérico de integração Monte-Carlo que permite fazer inferências sobre distribuições marginais ou conjuntas mesmo que as densidades não estejam explicitamente formadas. O método cria vetores aleatórios pela amostragem das distribuições condicionais posteriores conjuntas de todos os parâmetros aleatórios do modelo. O vetor de observações que é obtido a cada iteração, depois de alcançada a convergência, constitui uma amostra aleatória da distribuição conjunta de interesse. Assim para os mesmos autores, o amostrador de Gibbs é

um método de amostragem condicional alternada definido em termos de subvetores de θ .

Segundo EHLERS (2007), se considerarmos que um vetor θ possa ser dividido em r componentes ou subvetores, ou seja, $\theta = (\theta'_1, \theta'_2, \dots, \theta'_r)$, cada iteração do amostrador de Gibbs consiste em simular valores de cada subvetor de θ , condicionalmente a todos os valores dos outros subvetores, totalizando k simulações para cada iteração completa de ciclo.

Pode-se demonstrar que após grande número de iterações, a seqüência de valores gerados por meio do amostrador de Gibbs irá convergir para uma distribuição estacionária igual a $p(\theta | x)$, ou seja, após convergência, cada valor de θ obtido pelo amostrador de Gibbs é um valor simulado da distribuição conjunta de seus elementos.

Esse tipo de aproximação será tanto melhor quanto maior for o número de amostras utilizadas nos cálculos. Ainda, por se tratar de um processo de Markov, amostras sucessivas são dependentes entre si, e por essa razão a utilização de amostras obtidas a partir do descarte de algumas iterações intermediárias, pode também ser recomendada no sentido da obtenção de amostras independentes. Segundo FARIA et al. (2007a) amostras consecutivas obtidas de uma cadeia pelo amostrador de Gibbs podem ser altamente correlacionadas. Dessa forma, para se obter amostras independentes ou não correlacionadas é necessário que se eliminem resultados de ciclos intermediários da cadeia amostral. O intervalo de retirada das amostras é denominado intervalo de utilização amostral e deve ser suficiente para que as amostras utilizadas não sejam correlacionadas.

O amostrador de Gibbs produz uma cadeia de amostras de Gibbs de tantos ciclos quanto forem especificados. Este aspecto é muito importante, porque está intimamente relacionado com a convergência das distribuições posteriores dos parâmetros. Se o número de ciclos definido pelo usuário for adequado, as médias posteriores das amostras serão estimativas válidas das distribuições posteriores dos parâmetros.

No Brasil, o método da amostragem de Gibbs, tem sido aplicado com êxito em diversos estudos envolvendo dados de campo de bovinos da raça Nelore. O algoritmo de Gibbs é aplicado para gerar um valor para cada parâmetro desconhecido e apresenta fácil implementação, principalmente quando comparado a algoritmos baseados em processos não derivativos, uma vez que os resultados permitem uma inferência bayesiana que gera distribuições posteriores marginais completas, a partir das quais são obtidas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos.

De acordo com VAN TASSEL et al. (1995), o uso da amostragem de Gibbs apresenta várias vantagens com relação aos métodos usuais:

- não requer soluções para as equações de modelo misto;
- permite a análise de conjunto de dados maiores do que quando se usa REML com técnicas de matrizes esparsas;
- propicia estimativas diretas e acuradas dos componentes de variância, valores genéticos e intervalos de confiança para essas estimativas e,
- pode ser usado sem problemas em microcomputadores e estações de trabalho

Assim, o método de amostragem de gibbs utilizado nos métodos bayesianos, fornece distribuição amostral *a posteriori* de parâmetros (variâncias, covariâncias, correlações genéticas e herdabilidades) e sumários (médias e modas) de interesse, permitindo a construção de gráficos e de intervalos de credibilidade por meio dos quais é possível analisar a interação genótipo - ambiente (MASCIOLI et al., 2006).

1.4 - Referências Bibliográficas

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

BALIEIRO, J.C.C. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore**. 2001. 88 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, p. 2023-2046, 2001.

BLASCO, A. The use of Bayesian statistics in meat quality analyses: a review. **Meat Science**, v. 69, p. 115-122, 2005.

CAMPELO, J.E.G., LOPES, P.S., TORRES, R.A., SILVA, L.O.C., EUCLYDES, R.F., ARAÚJO, C.V., PEREIRA, C.S. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.6, p.685-693, 2003.

CARNEIRO JÚNIOR, J.M., ASSIS, G.M.L., EUCLYDES, R.F., LOPES, P.S. Influência da informação *a priori* na avaliação genética animal utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.6, p.1905-1913, 2005.

DONOGHUE, K.A., & BERTRAND, J.K. Investigation of genotype by country interactions for growth traits for Charolais populations in Australia, Canada, New Zealand and USA. **Livestock Production Science**, v.85, p.129-137, 2004.

EHLERS, R.S. **Introdução a Inferência Bayesiana**. 2007. Disponível em: <http://leg.ufpr.br/~paulojus/CE227/ce227/ce227.html>. Acesso em: 28 out. 2008.

ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., GOLDEN, B.L., PEREIRA, E. Influência da Interação Touro x Rebanho na Estimativa da Correlação entre Efeitos Genéticos Direto e Materno em Bovinos da Raça Nelore. **Revista brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

ESPASANDIN, A.C., ALENCAR, M.M., URIOSTE, J.I. Interação genótipo x ambiente para peso à desmama para animais da raça Angus do Brasil e do Uruguai. IN: VII SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8 - 9 de julho, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: CD-ROM.

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

FARIA, C.U. de., MAGNABOSCO, C. de U., REYES, ARCADIO de L., LÔBO, R.B., BEZERRA, L.A.F. Análise Genética do peso e perímetro escrotal ao sobreano de bovinos da raça Nelore utilizando amostragem de Gibbs IN: VII SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8 - 9 de julho, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: CD-ROM.

FARIA, C.U. de., MAGNABOSCO, C. de U., REYES, ARCADIO de L.L., LÔBO, R.B., BEZERRA, L.A.F. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: Revisão Bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v.8, n. 1, p.75-86, 2007a.

FARIA, C.U. de., MAGNABOSCO, C. de U., REYES, ARCADIO de L., LÔBO, R.B., BEZERRA, L.A.F., SAINZ, R.D. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.3, p.545-551, 2007b.

FERREIRA, V.C.P., PENNA, V.M., BERGMANN, J.A.G., TORRES, R.A. Interação genótipo - 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, B.A. **Interações genótipo x ambientes e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos da raça Tabapuã**. 2003. 35p. Dissertação (mestrado em zootecnia) - Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

FRIDRICH, B.A. **Interação genótipo x ambiente e estimativa de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Nelore**. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 2007. 53p. (Tese, Doutorado).

GELMAN, A., CARLIN, J.B., STERN, H.S., RUBIN, D.B. **Bayesian data Analysis**. NewYork: Chapman & Hall, 2004. 695 p.

GEMAN, S., & GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**. 6:721. 1984.

GIANOLA, D., & FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, p.217-244, 1986.

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Reviews**, v.22, p.195-213, 1947.

HALDANE, J.B.S. The interaction of nature and nurture. **Ann. Eugen.**, 13: 197-205, 1946.

HILL, W.G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v.39, p.473-477, 1984.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA [IBGE]. **Indicadores – Produção Pecuária – Banco SIDRA**. 2008. Disponível em: www.ibge.gov.br. Acesso em: 2 fev. 2009.

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. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3–11, 2002.

LOPES, J.S., RORATO, P.R.N., WEBER, T.; BOLIGON, A.A., COMIN, J.G., DORNELLES, M. de A. Efeito da interação genótipo - ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.1, p.54-60, 2008.

MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife. **Anais...** Recife: CD ROM – Melhoramento Animal, 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.

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, p.2121-2126, 2000.

PANI, S.N. **Genotype x environment interaction in sire evaluation**. Missouri, Columbia, 1971, 138p. (Tese, Doutorado).

PÉGOLO, T.N., OLIVEIRA, H.N., ALBUQUERQUE, L.G., BEZERRA, L.A.F., LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.2, p.281-287, 2009.

REIS, J.C., & LÔBO, R.B. **Interação genótipo - ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto. Editora F.C.A. (FEI), 1991, 182p.

RESENDE, M.D.V. **Inferência bayesiana e simulação estocástica (Amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Colombo: Embrapa/CNPQ, 2000. 68 f. (Embrapa/CNPQ, Documentos, 46).

RESENDE, M.D.V., DUDA, L.L., GUIMARÃES, P.R.B., FERNANDES, J.S.C. Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. **Revista de Matemática e Estatística**, v.19, p.41-70, 2001.

RIBEIRO, S. **Estudo da Interação Genótipo x Ambiente em Algumas Características Produtivas na Raça Nelore**. 2006. 72 P. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

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

SOUZA, J. C., SILVA, L. O. C., FREITAS, J. A., MALHADO, C.H.M., GONDO, A., FERRAZ FILHO, P. B., WEABER R., LAMBERSON, W.R. Genotype x environmental interaction to Nelore cattle raised in two Brazilian regions. **In:**

Journal of Animal Science, 2008, Indianapolis. adsa.asas.org/meetings/2008/.
Champagnat: ASAS. v. 86. p.204-204.

TORAL, F.L.B., SILVA, L.O.C., MARTINS, E.L., GONDO, A., SIMONELLI, S. Interação genótipo - 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.

TORRES, J.M.C., SANCHES, A., CROSSA, A. Abordagem bayesiana de modelos para análise da interação genótipo por ambiente no melhoramento de plantas. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 52, 2007. Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: RBRAS. 2007. [CD-ROM]

VAN TASSELL, C.P., CASELLA, G., POLLAK, E.J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v.78, n.3, p.678-692, 1995.

VAN TASSELL, C.P., & VAN VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, n.11, p.2586-2597, 1996.

VÁZQUEZ F.J., & MARTEL M.C., Sobre la enseñanza de rudimentos de estadística bayesiana con aplicaciones en economía y empresa. 2000. 8p. **Material de Docencia de Matemáticas en la Economía y la Empresa.**

VINSON, W.E. Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds. **Journal of Dairy Science**, v.70, p.2450-2455, 1987.

WRIGHT, S. Genetic principles governing the rate of progress of livestock breeding. **Proceedings American Society of Animal Production**, 32, p.18-26,1939.

YAMADA Y. Genotype by environment interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. **Japanese Journal of Genetics**, v.37, p.498-509, 1962.

CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE NO PESO AO SOBREANO EM ANIMAIS NELORE EM CINCO ESTADOS BRASILEIROS

Interação Genótipo - Ambiente no peso ao sobreano em animais Nelore em cinco estados brasileiros

RESUMO- Dados de 75.941 animais nascidos nos anos de 1991 até 2006, foram utilizados a fim de estimar os componentes de (co)variância, necessários para a determinação da importância do efeito da interação genótipo - ambiente (IGA) em cinco estados brasileiros. Os componentes (co)variância foram obtidos através de uma análise uni-característica (onde considerou-se o peso ao sobreano como sendo a mesma característica em todos os estados) e multicaracterística, (considerando a expressão do peso em cada estado como uma característica distinta). O modelo incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos e como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto e residual. Considerou-se efeito importante da IGA valores de correlação genética abaixo de 0,80. Verificou-se o efeito da IGA sobre a seleção quando considerada ou não a característica como diferente nos estados avaliados. As estimativas de herdabilidade para Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais foram $0,51 \pm 0,02$; $0,39 \pm 0,03$; $0,44 \pm 0,02$; $0,37 \pm 0,02$; $0,41 \pm 0,04$, respectivamente. As correlações genéticas estimadas entre os estados de Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais variaram de 0,67 a 0,75, evidenciando a ocorrência da IGA. Não houve interação entre: Goiás e São Paulo, Goiás e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Minas Gerais e entre São Paulo e Mato Grosso do Sul (0,82 a 0,97). Comparando a seleção baseada em uma análise uni, com uma análise multicaracterística, a análise uni foi menos eficiente na presença da IGA, com perdas consideráveis (de até 10%) na seleção.

Palavras-chave: bovinos de corte, correlação genética, inferência bayesiana

Introdução

Em um programa de melhoramento genético, ao escolher as características que serão usadas como objetivo de seleção considera-se principalmente a sua importância econômica frente às tendências do mercado atual. Entretanto, a ênfase que é dada às características deve ser ajustada, considerando-se não só situações específicas de mercado, mas também as condições ecorregionais. No caso do Brasil, levando em consideração o seu vasto território e as diferenças ambientais entre as regiões, pode ser necessária a realização de avaliações separadas por regiões, para que as diferenças existentes nas diversas localidades não interfiram no ganho genético dos animais. Neste contexto a interação genótipo - ambiente é uma hipótese essencial no melhoramento genético dos animais domésticos. O desafio é avaliar a extensão dos genótipos e ambientes sobre os quais a interação genótipo - ambiente é suficientemente grande para ter importância econômica e biológica (PÉGOLO et al., 2009).

A produção animal resulta da ação conjunta de forças de origens genética e ambiente, portanto, avaliar os efeitos isolados e conjuntos dos fatores que afetam os pesos e ganhos em pesos utilizados em programas de melhoramento, é fundamental. O peso ao sobreano assume grande importância por ser a última pesagem realizada pela maioria dos criadores de rebanhos de seleção antes da venda dos reprodutores, e assim, é o peso mais próximo do peso de abate e, conseqüentemente o que apresenta maiores correlações com este. Segundo FERREIRA et al. (2001), os efeitos da interação genótipo – ambiente se mostram mais importantes após o período de desmama, o que ressalta a importância de identificar corretamente os fatores que afetam esses pesos.

Alguns autores utilizaram-se da correlação genética para medir a importância da interação genótipo - ambiente entre estados das regiões sudeste e centro-oeste na raça Nelore e relataram valores que variaram de 0,60 – 0,90, e estimativas de herdabilidade para o peso ao sobreano variando de 0,30 – 0,61 (TORAL et al., 2004; RIBEIRO et al., 2007; LOPES et al., 2008).

Os valores demonstram a variabilidade dessa característica em estudos de interação genótipo - ambiente de acordo com o ambiente avaliado, entretanto, nota-se na literatura brasileira poucos trabalhos envolvendo a influência da interação genótipo – ambiente nas características de importância econômica utilizadas em programas de melhoramento.

No presente estudo, foram estimadas herdabilidades e correlações genéticas para o peso ao sobreano em animais da raça Nelore, por meio de uma análise uni e multicaracterística utilizando inferência bayesiana, com a finalidade de investigar a interação genótipo – ambiente através de correlação genética em cinco estados da federação e verificar seu efeito no valor genético médio dos animais selecionados.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de peso ao sobreano (P450) de 99.366 animais da raça Nelore nascidos entre os anos de 1991 e 2006, provenientes de rebanhos de seis estados brasileiros (Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e Paraná) participantes do programa de melhoramento genético da raça Nelore (PMGRN) coordenado pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Todos os animais do programa são submetidos a controles criteriosos das características reprodutivas e produtivas, havendo grande diversidade entre os rebanhos quanto ao manejo nutricional e reprodutivo adotado, assim como variações quanto à duração e época de início da estação de monta. Foram considerados para a análise somente animais provenientes de cinco estados e que foram criados em regime exclusivo de pastagem, excluindo o estado do Paraná pelo pequeno número de informações.

Os animais participantes, além de serem identificados de forma a garantir as informações de genealogia, são submetidos a pesagens a cada 90 dias, do

nascimento ao sobreano e, aqueles que permanecem nos rebanhos como reprodutores continuam sendo pesados rotineiramente nesse intervalo.

O peso ao sobreano foi padronizado pela ANCP seguindo as seguintes fórmulas: $P450 = Pa + GMD \times Da$, em que: P450 é o peso ao sobreano padronizado; GMD é a razão da diferença entre os pesos posterior e anterior, pelo número de dias contido no período compreendido entre as duas pesagens; Pa é o peso anterior à idade-padrão e Da são os dias compreendidos entre a pesagem anterior e a idade padrão.

Foram consideradas quatro estações de nascimento: verão (janeiro a março); outono (abril a junho); inverno (julho a setembro); primavera (outubro a dezembro).

O número de touros presente em cada estado e em dois estados conjuntamente está descrito na Tabela 1.

Tabela 1- Número de touros por estado (diagonal) e em dois estados conjuntamente (triangular superior).

	P450_GO	P450_MT	P450_SP	P450_MS	P450_MG
P450_GO	582	148	246	220	175
P450_MT		379	237	236	147
P450_SP			937	334	253
P450_MS				871	217
P450_MG					360

Para a montagem dos grupos de contemporâneos foi utilizado o procedimento GLM (SAS, 2008). O grupo de contemporâneo para o qual o modelo apresentava maior coeficiente de determinação para a característica peso ao sobreano nas análises foi formado a partir da concatenação das informações de: fazenda da pesagem e fazenda de origem, ano de nascimento, estação de nascimento, sexo e lote de manejo. No total foram formados 2.406 grupos.

Grupos de contemporâneos com menos de nove observações foram retirados da análise, bem como os registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão, restando assim um banco de dados com 75.941 observações.

O número de rebanhos e a estrutura após a consistência do arquivo de dados do peso (P450) por estado analisado apresentam-se descritos na Tabela 2.

Tabela 2- Número de rebanhos e observações, peso médio (P.M.), desvio-padrão (D.P.) e coeficiente de variação (CV) para o peso ao sobreano (P450) nos cinco estados avaliados.

	Nº de rebanhos	Nº de obs.	P. M. (kg)	D. P. (kg)	CV (%)
Goiás	44	16.011	254,09	39,27	15,45
Mato Grosso	6	10.637	260,09	40,36	15,51
São Paulo	29	19.777	280,44	46,66	16,63
Mato Grosso do Sul	24	22.408	268,52	46,38	17,27
Minas Gerais	15	7.108	288,35	50,99	17,68
Total	118	75.941	269,26	46,10	17,12

Os componentes de (co)variância foram obtidos por meio do programa gibbs2f90, desenvolvido por (MISZTAL, 2007), por meio de análise de característica única, que considerou o peso como a mesma característica em todos os estados, e de características múltiplas em que o peso ao sobreano foi considerado em cada estado como característica distinta. O modelo de análise incluiu os efeitos de grupos de contemporâneos e, valores genéticos dos animais e o resíduo. Em termos matriciais, o modelo completo utilizado nas análises pode ser representado por:

$$y = X\beta + Zu + e$$

em que y , é o vetor das observações, X e Z são as matrizes de incidência que associam β , e u respectivamente às observações. β é o vetor dos efeitos de

grupo de contemporâneo, u é o vetor dos valores genéticos aditivos diretos e e , é o vetor dos resíduos.

Sobre o modelo estabelecem-se as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim MNV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZAZ' \otimes G + R \otimes I & G \otimes ZA & R \otimes I \\ AZ' \otimes G & G \otimes A & 0 \\ R \otimes I & 0 & R \otimes I \end{bmatrix} \right\}$$

em que A representa a matriz de parentescos aditivos; I , uma matriz identidade; G , matriz 5x5 da variância genética aditiva; R , matriz diagonal 5x5 da variância residual e \otimes é o operador do produto direto entre matrizes.

Os vetores β e u são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta, u$. Assumiu-se como *priori* para β uma distribuição uniforme, que reflete um conhecimento prévio vago sobre este vetor. Para u assumiu-se como *priori* uma distribuição normal multivariada com média 0 e variância $\sigma_a^2 A$ e $G \otimes A$ para as análises uni e multicaracterística, respectivamente.

Para os demais componentes, assumiu-se como *priori* a distribuição Wishart e qui-quadrado invertida para multi e unicaracterística, respectivamente (VAN TASSEL & VAN VLECK, 1996). Neste estudo para a análise multicaracterística não foi considerada a (co)variância residual entre os ambientes, pois não há registros do mesmo animal em dois ambientes.

Nas análises utilizou-se um arquivo de genealogia contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 149.002 animais na matriz de parentesco, considerando todas as relações de parentesco disponíveis (até 11 gerações).

Para as análises uni e multicaráter foram geradas cadeias de Gibbs de 1.040.000 e 1.012.900 ciclos respectivamente, com descarte inicial de 50.000 e intervalo de amostragem a cada 100 ciclos. Posteriormente, as cadeias geradas

foram analisadas através do programa Gibanal (VAN KAAM, 1998), para verificar a convergência e dependência entre as amostras.

A interação genótipo – ambiente (IGA) foi estimada pela correlação genética entre o peso ao sobreano nos diferentes estados, sendo considerado que valores abaixo de 0,80 caracterizam a presença de interação genótipo – ambiente.

Em função dos resultados da média dos componentes de (co)variância obtidos pelo modelo uni e multicaracterística por meio de inferência bayesiana, os animais foram classificados de acordo com os valores genéticos obtidos através da metodologia BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), proposto por HENDERSON (1975) por meio do programa blupf90 desenvolvido por (MISZTAL, 2007). Desta forma foram obtidos, para cada animal, cinco estimativas de valores genéticos, sendo uma para cada estado (VGGO, VGMT, VGSP, VGMS, VGMG). Para a análise unicaráter foram obtidos os valores genéticos dos animais considerando o peso ao sobreano como a mesma característica (VGuni), independente do estado em que tenha sido criado o animal.

No intuito de verificar o efeito da IGA sobre a seleção, foram comparadas as respostas à seleção praticada considerando-se ou não a característica como diferente nos cinco estados. Foram simulados dois cenários de seleção com proporção de animais selecionados variando de 1 a 10%. No primeiro cenário os animais eram selecionados com base no valor genético da análise unicaráter (VGuni). E no segundo com base nos valores genéticos de cada estado (VGSP, VGMT, VGGO, VGMS, VGMG). Foram então calculadas as médias dos valores genéticos de cada estado para os animais selecionados. Considerando-se que na presença de IGA o segundo cenário seria mais adequado, foram comparadas as médias de VGSP quando a seleção era baseada em VGuni e VGSP; as médias de VGMT quando a seleção era baseada em VGMT e VGuni; e assim sucessivamente para os cinco estados.

Para esta comparação foram utilizados apenas os animais machos nascidos no ano de 2005 (último ano em que a safra completa foi registrada).

Resultados e Discussão

Conforme se observa na Tabela 2, existe grande variação entre os estados quanto à média e o desvio-padrão do peso ao sobreano. Estas diferenças podem ser causadas por diversos fatores entre os quais incluem-se diferenças genéticas entre os rebanhos. No entanto, a maior parte das diferenças observadas deve ser atribuída ao ambiente de criação dos animais. Alguma diferença na variância fenotípica pode também ser observada entre os estados, o que neste caso reflete principalmente variações entre rebanhos dentro de cada estado, mas pode estar também refletindo variações nas técnicas de manejo e cuidados nas coletas de dados. Esta situação pode conduzir a diferenças nas estimativas de componentes de (co)variâncias e, conseqüentemente, diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos (BALIEIRO et al., 2004).

Em inferência bayesiana quando aplica-se os métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov para a obtenção das amostras da distribuição *a posteriori* é necessário que se assegure a convergência das cadeias, pois caso as amostras não sejam provenientes de uma distribuição *a posteriori* estacionária, as inferências não serão válidas. Neste estudo, o descarte inicial assumido (50.000 amostras) para as duas análises foi adequado para assegurar a convergência da cadeia.

Observa-se que o número de amostras efetivas foi pequeno (Tabela 3), variando de 81 a 268 apesar de terem sido geradas 990.000 amostras da distribuição estacionária. Isto significa que existe uma alta dependência entre as amostras. Embora o pequeno número de amostras efetivas dificulte as inferências relativas aos extremos da distribuição dos parâmetros, as medidas de tendência central são, em geral, confiáveis. Os valores das medidas de tendência central foram semelhantes entre si dentro dos estados.

Tabela 3- Estatísticas descritivas das distribuições posteriores dos componentes de variância do peso ao sobreano (P450) nos cinco estados (multicaracterística) e nos estados conjuntamente (unicaracterística).

Análise multicaracterística						
Parâmetro	Média	Moda	Mediana	A.E.	D.P.	IAD 95%
	Goiás (GO)					
σ_a^2	307,43	308,05	307,75	149	18,15	269,3 - 344,3
σ_e^2	291,86	289,45	291,00	214	13,11	265,4 - 316,2
Mato Grosso (MT)						
σ_a^2	264,94	275,94	265,60	102	14,63	215,4 - 311,9
σ_e^2	417,43	416,76	417,20	127	21,54	381,1 - 455,6
São Paulo (SP)						
σ_a^2	347,36	346,19	347,30	191	22,12	303,8 - 388,9
σ_e^2	438,40	432,37	437,70	198	15,86	409,4 - 468,4
Mato Grosso do Sul (MS)						
σ_a^2	246,59	254,08	246,90	149	15,60	216,5 - 275,2
σ_e^2	426,68	427,74	426,90	268	11,04	404,1 - 448,1
Minas Gerais (MG)						
σ_a^2	307,68	309,21	308,00	99	31,73	250,3 - 374,5
σ_e^2	439,96	438,80	438,80	81	24,17	396,8 - 488,4
Análise unicaracterística						
σ_a^2	285,64	283,54	285,30	1.266	10,40	265,7 - 305,6
σ_e^2	408,35	407,57	408,40	1.266	7,43	394,1 - 422,0

σ_a^2 - variância genética aditiva; σ_e^2 - variância residual; A.E. - Amostras efetivas; D.P. - desvio padrão; IAD - Intervalo de alta densidade.

Pelos valores das estimativas contidas na Tabela 3, podemos observar num contexto geral que entre todos os estados, o estado de Goiás foi o único que apresentou menor variância residual quando comparada à variância genética aditiva. Em relação à variância genética aditiva, o estado de São Paulo apresentou a maior estimativa seguido pelo estado de Minas Gerais e de Goiás.

Para um melhor detalhamento, na Figura 1 estão contidas as distribuições posteriores da variância genética aditiva para todos os estados.

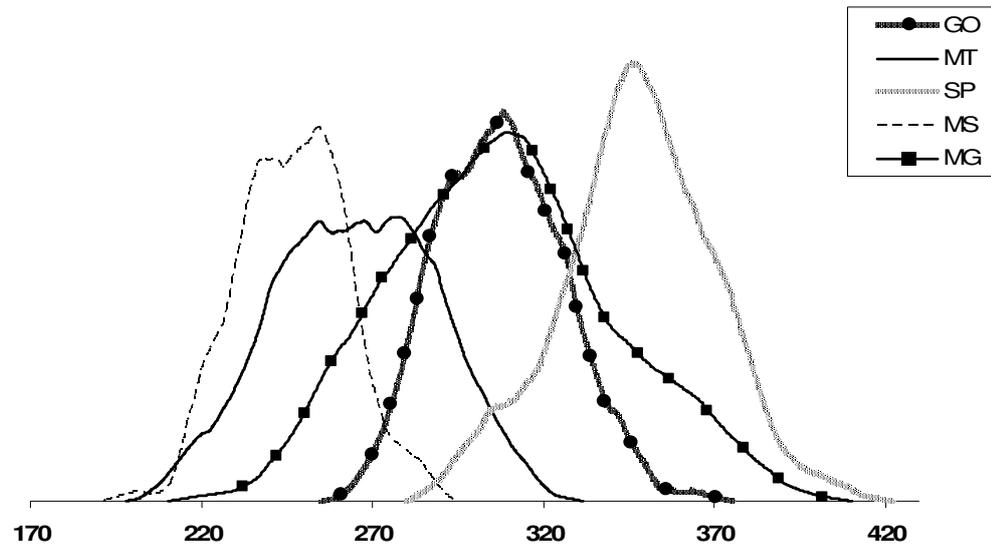


Figura 1- Densidades *a posteriori* das estimativas da variância genética (σ^2_a), da característica peso ao sobreano em (GO) Goiás, (MT) Mato Grosso, (SP) São Paulo, (MS) Mato Grosso do Sul e (MG) Minas Gerais.

A observação do gráfico permite inferir, pela intersecção das densidades, que o estado de São Paulo tem uma variância genética maior que Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, enquanto Mato Grosso do Sul é também menor que Goiás. O fato de a variância genética ser diferente entre os estados pode indicar que os genótipos reagem diferentemente aos diferentes ambientes o que implica na existência de IGA. É o que acontece, por exemplo, se nos estados em que a qualidade das pastagens for em média melhor, a diferença em peso nos animais ficar mais evidenciada. Neste caso a IGA resultante da heterogeneidade de variâncias não alteraria a classificação dos genótipos, mas causaria uma diferença de herdabilidade. Entretanto, se a variação maior for consequência de diferenças na variação do nível genético dos rebanhos dentro de cada estado – o que pode ser causado por seleção mais intensa para a característica em alguns rebanhos de alguns estados - então a diferença em variação genética não caracterizaria uma IGA. A consequência deste tipo de IGA sobre o ganho genético de rebanhos sob seleção, quando avaliados conjuntamente, é que havendo seleção intensa

haveria proporcionalmente maior contribuição dos estados com maior variação genética e assim, o ganho genético seria reduzido, pois não necessariamente os animais escolhidos provenientes dos estados de maior variação, seriam os superiores geneticamente para todos os estados.

No caso das variâncias residuais, cujas distribuições *a posteriori* são mostradas na Figura 2 e as respectivas estatísticas descritivas na Tabela 3, observa-se que o estado de Goiás apresenta os menores valores de variância residual enquanto os demais estados apresentam distribuições semelhantes entre si.

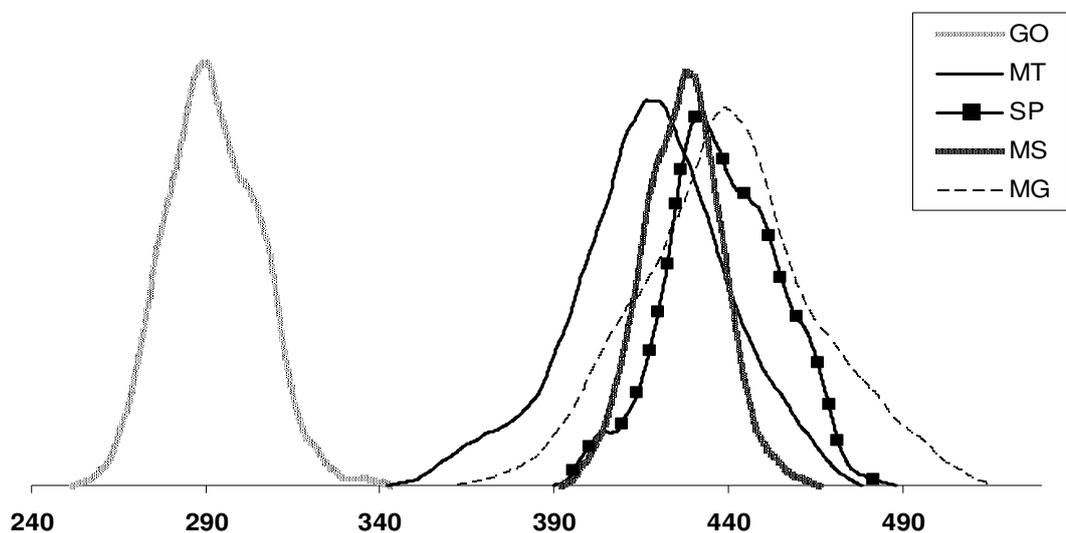


Figura 2- Densidades *a posteriori* das estimativas para a variância residual (σ^2_e), da característica peso ao sobreano em (GO) Goiás, (MT) Mato Grosso, (SP) São Paulo, (MS) Mato Grosso do Sul e (MG) Minas Gerais.

Um menor valor de variância residual pode significar uma menor variação no ambiente, um maior cuidado e fidedignidade na coleta de dados. Por outro lado pode também ser causada por maior reação de determinados genótipos a algum ambiente específico dentro dos estados, o que caracterizaria IGA. Se dentro de alguns estados houver maior variação na qualidade das pastagens e se a

magnitude das diferenças entre os animais depender da qualidade das pastagens, então a heterogeneidade de variância residual caracterizaria a IGA.

A heterogeneidade de variância residual também é causa de redução de ganho genético quando a intensidade de seleção aplicada é mais alta. A maior seleção de animais dos estados de maior variância residual não seria desejada, pois, numa aplicação prática, animais de estados com efeitos ambientes menos “controlados” seriam beneficiados.

Na seleção pelo fenótipo, quando a heterogeneidade de variância é ignorada e a intensidade de seleção é alta, existe uma tendência a se selecionar mais animais dos rebanhos onde a variância é maior, já que é nestes rebanhos que os animais com valores mais extremos são encontrados. No caso de seleção baseada em informações de parentes, o peso das informações provenientes de rebanhos com maior variação é maior na avaliação genética.

As herdabilidades estimadas para o peso ao sobreano (Tabela 4), considerando as regiões analisadas, variaram de 0,37 a 0,51, estando de acordo com os valores descritos na literatura para bovinos de raça Nelore como um todo, os quais variam de 0,31 a 0,53 (MAGNABOSCO et al., 2000; SIQUEIRA et al., 2003; FARIA et al., 2007; BOLIGON, 2008). O estado de Goiás apresenta a maior estimativa de herdabilidade entre os cinco estados (Figura 3), o que é uma consequência direta da menor variância residual.

Tabela 4- Estimativa das médias e desvio - padrão (entre parênteses) das herdabilidades (diagonal) e correlações genéticas (triangular superior) entre os cinco estados analisados para o peso ao sobreano.

	P450_GO	P450_MT	P450_SP	P450_MS	P450_MG
P450_GO	0,51(0,02)	0,74(0,07)	0,88(0,04)	0,89(0,01)	0,67(0,08)
P450_MT		0,38(0,03)	0,84(0,07)	0,82(0,05)	0,97(0,03)
P450_SP			0,44(0,02)	0,83(0,04)	0,75(0,08)
P450_MS				0,37(0,02)	0,73(0,06)
P450_MG					0,41(0,04)

GO – Goiás; MT – Mato Grosso; SP – São Paulo; MS – Mato Grosso do Sul; MG – Minas Gerais

As estimativas de herdabilidade obtidas para o peso em diferentes estados foram de magnitude moderada a alta, indicando que, parte considerável da variação entre os animais, para esta característica, é decorrente das diferenças no mérito genético dos animais; desse modo, o peso ao sobreano em qualquer dos estados considerados pode responder de forma eficiente à seleção individual.

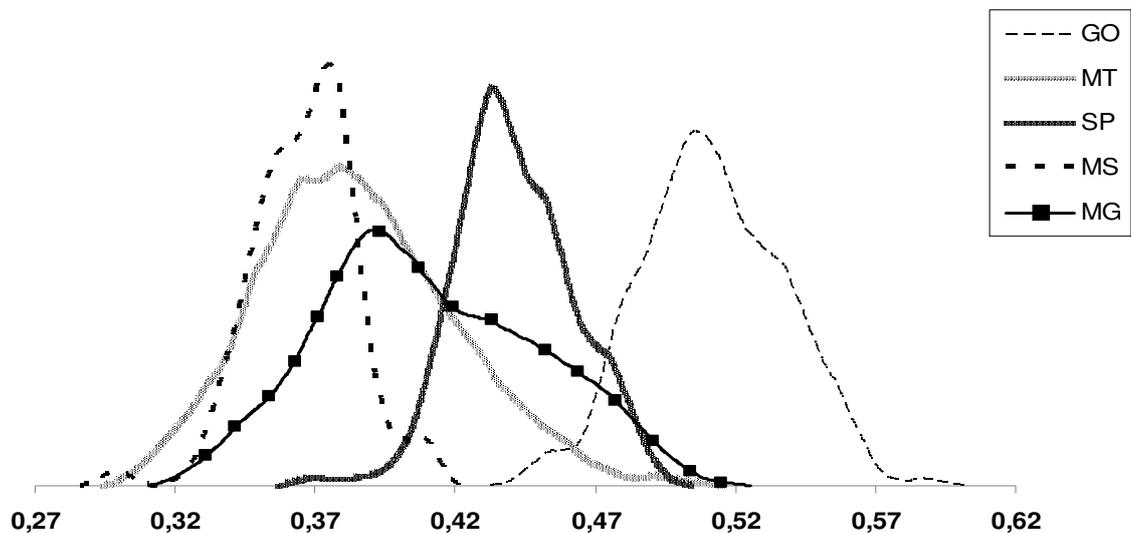


Figura 3- Densidades *a posteriori* das estimativas de herdabilidade (h^2), da característica peso ao sobreano em (GO) Goiás, (MT) Mato Grosso, (SP) São Paulo, (MS) Mato Grosso do Sul e (MG) Minas Gerais.

Trabalhando com interação genótipo - ambiente em três estados, FERREIRA et al. (2001), relataram estimativa de herdabilidade de 0,17 para o peso ao sobreano no estado de Minas Gerais para um rebanho da raça Nelore, bem menor do que o valor descrito neste estudo. Para o estado de Mato Grosso do Sul a herdabilidade estimada (0,36) está de acordo com os mencionados por TORAL et al. (2004) e RIBEIRO (2006) que encontraram estimativas de herdabilidade para regiões do Mato Grosso do Sul variando de 0,30 a 0,45 e de 0,31 a 0,48, respectivamente.

A estimativa de herdabilidade obtida para o estado de São Paulo (0,44), Minas Gerais (0,41) e Mato Grosso do Sul (0,37), diferem dos obtidos por GUIDOLIN et al. (2008) na raça Nelore, que encontraram estimativa de herdabilidade de 0,18, 0,24 e 0,51 para esses mesmos estados respectivamente. Para o estado de Goiás e Mato Grosso, os mesmos autores relataram estimativas semelhante ao do presente trabalho (0,51 e 0,34 respectivamente). Cabe ressaltar que o autor não utilizou efeito materno no modelo para o peso ao sobreano e estimou os componentes de (co)variância por meio de análises bi-características.

Apesar dos diferentes valores estimados para a herdabilidade demonstrarem uma diferença de desempenho do genótipo dos animais nas diferentes regiões, esta diferença somente tem conseqüências do ponto de vista prático da seleção quando causa alterações no mérito relativo dos animais. Para que essa alteração ocorra é necessário que o efeito da interação seja importante. Neste trabalho foi seguida a sugestão de ROBERTSON (1959) para a qual a interação apresenta um efeito importante quando o valor da correlação genética entre a mesma característica em ambientes for menor que 0,80.

A interação genótipo - ambiente foi evidenciada (valores de correlação genética abaixo de 0,80) entre os estados de Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais. Pelos resultados encontrados, as expressões fenotípicas da característica, serão diferentes nos estados em que a correlação genética foi menor que 0,80, devendo ser consideradas características distintas.

Não houve evidência da interação entre os estados: Goiás e São Paulo, Goiás e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Minas Gerais e entre São Paulo e Mato Grosso do Sul. Os resultados encontrados para estes estados sugerem que a maioria dos genes responsáveis pela expressão do peso ao sobreano está agindo de forma semelhante em dois ambientes diferentes e, a resposta à seleção, para a característica em um dos estados será semelhante à resposta em outro estado.

As estimativas de correlações genéticas mais baixas envolvendo o estado do Mato Grosso do Sul estão de acordo com as descritas por TORAL et al. (2004) em três microrregiões homogêneas do estado do Mato Grosso do Sul (Alto Taquarí, Campo Grande e Pantanal) para pesos do nascimento até o sobreano de bovinos da raça Nelore. Assim como também estão de acordo com os resultados obtidos por SOUZA et al. (2008), que mencionaram efeito da interação apenas para características pós-desmama entre duas regiões do estado do Pará e do estado do Mato Grosso do Sul para bovinos da raça Nelore.

Resultados semelhantes aos do presente trabalho foram encontrados por RIBEIRO et al. (2007) e BALIEIRO (2001) que não relataram presença da interação genótipo – ambiente entre a região oeste do estado de São Paulo e o estado do Mato Grosso do Sul (valores variando de 0,82 a 1,00). Por outro lado MATTAR et al. (2008), obtiveram interação para estes mesmos estados assim como entre Mato Grosso e Minas Gerais, para bovinos da raça Canchim.

ELER et al. (2000) encontraram interação para características pré-desmama e pós-desmama em bovinos da raça Nelore em fazendas localizadas no sudeste e centro – oeste concordando com os resultados deste trabalho. Entretanto, FRIDRICH et al. (2005) não obtiveram interação entre estados da região sudeste e centro-oeste, com valores médios de correlação genética de 0,92 para a raça Tabapuã.

Para um exame mais detalhado, na Figura 4 são mostradas as densidades à *posteriori* das estimativas da correlação genética do peso ao sobreano entre os cinco estados estudados.

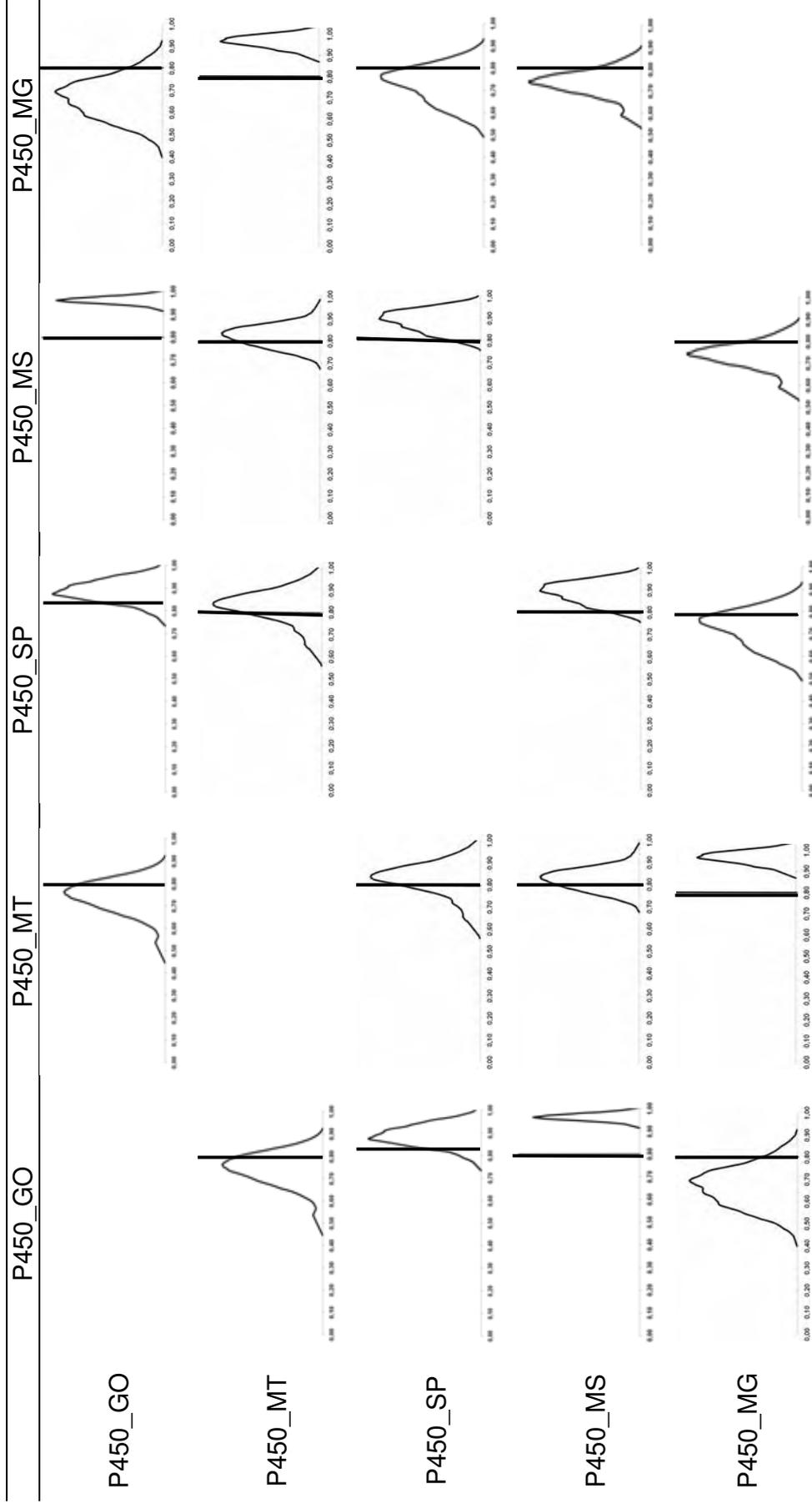


Figura 4- Densidades *a posteriori* das estimativas das correlações genéticas (triangular superior e inferior) onde a linha demarca o limite para importância da interação genótipo – ambiente (0,80) para P(450) nos cinco estados avaliados.

Verifica-se que as distribuições posteriores das correlações envolvendo o estado de Minas Gerais apresentam, exceto pela que envolve o estado de Mato Grosso, pequena probabilidade de estarem acima de 0,80, enquanto o estado de Mato Grosso, exceto pelo caso do estado de Goiás, apresenta uma boa parte da distribuição dos valores de correlações genéticas com os pesos em outros estados acima de 0,80. Isto parece indicar a existência de dois grupos de estados entre os quais a interação genótipo ambiente é mais pronunciada, um envolvendo os estados de Minas Gerais e Mato Grosso, e outro envolvendo os estados de Goiás, São Paulo e Mato Grosso do Sul. Pode também indicar que a realização da avaliação genética nos dois conjuntos separadamente, poderia ser mais interessante em termos de progresso genético. Dentro destes grupos as correlações genéticas entre os estados são bastante altas.

Nesses estados em que a IGA foi evidenciada, tornou-se importante quantificar o efeito dessa interação sobre a seleção dos animais quando se compara uma análise que desconsidera a IGA (análise unicaracterística) com uma que considera a presença de IGA (análise multicaracterística) (Tabela 5 e 6), já que na maioria dos programas de melhoramento não se considera a presença da interação genótipo - ambiente.

Tabela 5- Coeficientes de correlação de Pearson entre valores genéticos preditos dos machos nascidos em 2005 para peso ao sobreano, obtidos em análises uni e multicaracterística

	VGuni	VGGO	VGMT	VGSP	VGMS	VGMG
VGuni	-	0,97	0,97	0,98	0,98	0,93
VGGO	-	-	0,94	0,97	0,98	0,87
VGMT	-	-	-	0,96	0,95	0,96
VGSP	-	-	-	-	0,96	0,90
VGMS	-	-	-	-	-	0,88
VGMG	-	-	-	-	-	-

VGuni – valor genético predito em análise unicaracterística; VGGO, VGMT, VGSP, VGMS e VGMG – valor genético predito para Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais em análise multicaracterística.

As correlações entre os valores genéticos preditos para nas análises multicaráter e unicaráter, foram altas para todos os estados. Estas correlações são mais altas do que as correlações genéticas entre os estados, pois na análise unicaráter os dados de todos os estados estão incluídos. Esta é uma situação mais realista que a anterior, uma vez que se a IGA for ignorada, os dados de todos os estados serão reunidos e analisados como uma única característica. As correlações genéticas obtidas anteriormente permitem prever o ganho genético em um estado baseado nos resultados do outro estado, o que não concorda com a situação estudada anteriormente pela análise que considera a presença de IGA.

Na Tabela 6 são mostradas as médias dos valores genéticos obtidos nas análises multicaráter de animais machos nascidos no ano de 2005, selecionados com base na análise multicaráter (que considera a IGA) e a redução percentual nestas médias quando a seleção é baseada nos resultados da análise unicaráter (que ignora a IGA), de acordo com a fração selecionada. Verifica-se que, para os animais do estado de Minas Gerais, a perda por ignorar os efeitos da IGA, pode chegar a um pouco mais de 10% do valor genético médio dos animais selecionados. Para os outros estados, a perda não parece ser tão importante.

Este resultado pode decorrer tanto das mudanças na classificação dos animais nos diferentes estados, o que é evidenciado pelas correlações genéticas encontradas nas análises multicaracterísticas, quanto das diferenças nas variâncias (mudança de escala) entre os estados. Entretanto, por ser mais pronunciada a mudança no estado de Minas Gerais, que apresenta variância genética próxima da média dos demais estados, a primeira opção parece mais plausível.

Tabela 6- Média dos valores genéticos para análise multicaracterística quando selecionados 1, 5 e 10% dos melhores machos nascidos no ano de 2005, e redução percentual (entre parênteses) quando a seleção é feita com base na análise unicaracterística.

P(%)	VGGO	VGMT	VGSP	VGMS	VGMG
1	30,25 (-3,67%)	27,33 (-4,11%)	33,03 (-1,91%)	27,75 (-3,17%)	30,33 (-10,30%)
5	21,84 (-3,53%)	20,56 (-3,43%)	23,90 (-2,87%)	20,48 (-2,79%)	22,89 (-9,44%)
10	18,06 (-3,63%)	17,20 (-3,06%)	18,78 (-2,48%)	17,05 (-2,98%)	19,08 (-8,12%)

P(%) - porcentagem de animais selecionados; VGGO, VGMT, VGSP, VGMS, VGMG – média dos valores genéticos dos animais no estado de Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais.

Maiores diferenças entre os valores genéticos preditos ocorreram em três situações quando a intensidade de seleção foi maior, o que também pode ser relacionado à presença da heterogeneidade de variâncias para os estados de Minas Gerais, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul.

Resultados semelhantes a estes foram descritos por CARVALHEIRO et al. (2002) que avaliaram o efeito da heterogeneidade sobre a seleção através de duas análises, uma considerando a presença de heterogeneidade em 5 níveis e a outra considerando a homogeneidade de variâncias residuais. Os autores concluíram que quando a heterogeneidade de variâncias foi ignorada houve redução na resposta à seleção na intensidade de seleção mais alta.

Embora evidências da interação genótipo – ambiente entre vários pares de estados foram encontradas, o estado de Minas Gerais foi o mais influenciado pela presença da IGA. Entretanto, considerando estes resultados e o fato de que a utilização de uma análise, que desconsidera o efeito da IGA, levou a perdas consideráveis quando a seleção era baseada na análise unicaracterística, deve-se optar por uma análise que considere a presença da IGA quando esta for evidenciada, ou seja, quando valores de correlação genética abaixo de 0,80 forem encontrados.

O modelo multicaracterística fornece estimativas mais confiáveis dos valores genéticos dos animais por considerar melhor as diferenças tanto genéticas quanto ambientais entre os estados diminuindo assim o viés das estimativas. Entretanto deve-se considerar que a aplicação de uma análise multicaracterística requer um custo mais elevado quando comparado com uma análise unicaracterística.

Os resultados deste estudo reforçam a preocupação atual com a presença da interação genótipo – ambiente e a melhor forma de lidar com ela, uma vez que a situação econômica em cada região influi de maneira significativa na tomada de decisão dos criadores. Assim, tão importante quando avaliar o efeito da interação na classificação dos animais nos diferentes ambientes, é avaliar o efeito dessa alteração no ganho genético da população.

Conclusões

Existe interação genótipo - ambiente para o peso ao sobreano entre vários pares de estados estudados. É possível também evidenciar que dois grupos de estados podem ser analisados separadamente para fins de avaliação genética. O primeiro envolve os estados de Minas Gerais e Mato Grosso, e o segundo, os estados de Goiás, São Paulo e Mato Grosso do Sul.

O efeito da IGA na seleção é maior para o estado de Minas Gerais. Em avaliações genéticas para a característica peso ao sobreano, o emprego de modelos que consideram a presença da IGA é o mais adequado em relação à utilização de modelos que não consideram sua presença.

Referências Bibliográficas

BALIEIRO, J.C.C. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore**. 2001. 88f. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG.

BALIEIRO, J.C.C., LOPES, P.S., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., BARROS, J.B.G. de., FRANZINI, B.P. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de 29 bovinos da raça Nelore. I. Análises de uni -características para ganho de peso em 30 escala original e transformada. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA 31 DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: CD-ROM, 2004.

BOLIGON, A.A. **Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas**. 2008. 91p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de ciências agrárias e veterinárias – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CARVALHEIRO, R., FRIES, L.A., SCHENKEL, F.S., ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.

ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., GOLDEN, B.L., PEREIRA, E. Influência da Interação Touro x Rebanho na Estimacão da Correlacão entre Efeitos Genéticos Direto e Materno em Bovinos da Raça Nelore. **Revista brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

FARIA, C.U., MAGNABOSCO, C.U., REYES, A., LÔBO, R.B., BEZERRA, L.A.F., SAINZ, R.D. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.3, p.545-551. 2007.

FERREIRA, V.C.P., PENNA, V.M., BERGMANN, J.A.G., TORRES, R.A. Interaçã genótipo - 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 × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileira de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.5, p.663-672, 2005.

GUIDOLIN, D.G.F., BUZANSKAS, M.E., PAZ, C.C.P. Interação genótipo - ambiente em características de crescimento de bovinos da raça nelore criados nos estados de Goiás e São Paulo. IN: RESUMOS DO 54º CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 2008, Salvador. **Anais...** Salvador: CD-ROM.

HENDERSON, C.R. Best Linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p. 423-447. 1975.

LOPES, J.S., RORATO, P.R.N., WEBER, T.; BOLIGON, A.A., COMIN, J.G., DORNELLES, M. de A. Efeito da interação genótipo - ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.1, p.54-60, 2008.

MAGNABOSCO, C.D.U., LÔBO, R.B., FAMULA, T.R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. **Journal animal breeding and genetics**, Berlin, v.117, p.169-188. 2000.

MATTAR, M., ALENCAR, M.M., CARDOSO F.F., ESPASADIN, A.C., FERRAUDO, A.S., SILVA, L.O.C. Interação genótipo - ambiente para peso ao sobreano em alguns estados brasileiros e em clusters de municípios do estado de São Paulo em bovinos da raça Canchim. IN: VII SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 10 - 11 de julho, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: CD-ROM.

MISZTAL, I. 2007. URL: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>.
Acessado em 10/03/2008.

PÉGOLO, T.N., OLIVEIRA, H.N., ALBUQUERQUE, L.G., BEZERRA, L.A.F., LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.2, p.281-287, 2009.

RIBEIRO, S., ELER, J.P., BALIEIRO, J.C.C., MATTOS, E.C., FERRAZ, J.B.S. Influência da interação genótipo x ambiente sobre características pós-desmama em bovinos da raça nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina 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.

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 na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.1, p.99-105. 2003.

SOUZA, J. C., SILVA, L. O. C., FREITAS, J. A., MALHADO, C.H.M., GONDO, A., FERRAZ FILHO, P. B., WEABER R., LAMBERSON, W.R. Genotype x environmental interaction to Nelore cattle raised in two Brazilian regions. **In: Journal of Animal Science**, 2008, Indianapolis. adsa.asas.org/meetings/2008/. Champagnat: ASAS. v. 86. p. 204-204.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS - SAS. User's guide: Version 6.11 ed. Cary: 2008.

TORAL, F.L.B., SILVA, L.O.C., MARTINS, E.L., GONDO, A., SIMONELLI, S. Interação genótipo - 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.

VAN KAAM, J.B.C.H.M. “**GIBANAL**” – **Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo Sequences** (Version 2.10). Wageningen: Department of Animal Sciences, Agricultural University, 1998.

VAN TASSEL C.P., & VAN VLECK L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: Flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.