UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

SANDRA RIBEIRO

Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas entre rebanhos e normas de reação utilizando abordagem bayesiana em bovinos de corte

Pirassununga
2010

SANDRA RIBEIRO

Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas entre rebanhos e normas de reação utilizando abordagem bayesiana em bovinos de corte

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Pirassununga

2010

Dedicatória

"*Aos meus pais, Sonia e Carlos, e minha irmã Bruna, pelo amor incondicional que me fez crescer e me tornar a pessoa que sou hoje*".

"Ao Marcio, meu marido, com todo o meu amor e gratidão pela compreensão, presença e apoio inestimável durante a elaboração deste trabalho".

Agradecimentos

A *Deus,* que bem conhece o meu coração, todos os meus caminhos, virtudes e fraquezas. Agradeço pelo amor incondicional, por jamais ter me deixado só. Por me fazer acreditar que não se precisa ver, mas se precisa crer.

À *Universidade de São Paulo*, pela oportunidade de realização do Doutorado.

À *CAPES*, pelo auxílio financeiro nos três primeiros anos do Doutorado.

Ao *CNPq*, pela concessão da bolsa de estágio de Doutorado no exterior.

Ao *Prof. Dr. Joanir Pereira Eler*, não só pela orientação e confiança durante a execução deste trabalho, mas também pela amizade e bons conselhos, principalmente nos momentos difíceis. Certamente estes serão ensinamentos para a vida toda.

Ao *Prof. Dr. Guilherme Rosa*, por me receber na Universidade de Wisconsin, pela orientação, ensinamentos e amizade nos 12 meses que passei em Madison.

Ao *Prof. Dr. Fabyano Fonseca e Silva*, pela grande amizade e pela transmissão de inúmeros conhecimentos, especialmente os de estatística bayesiana. Obrigada pela enorme paciência em me ensinar tantas coisas.

Ao *Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz*, pela amizade e estímulo para a tentativa de bolsa de Doutorado-Sanduíche nos EUA.

Ao *Prof. Dr. Júlio Balieiro*, pelo auxílio, conselhos e valiosas dicas na execução deste trabalho. E também pela amizade durante estes seis anos de minha pós-graduação.

Ao *Prof. Dr. Daniel Gianola*, pela amizade durante minha passagem em Madison e pelo exemplo de vida e sucesso, uma lição de que conhecimento e simplicidade podem andar lado a lado.

Ao *Prof. Dr. Shogo Tsuruta*, pela paciência e gentileza ao me auxiliar nas análises utilizando o programa GIBBS2F90.

Ao *Prof. Dr. Fernando Flores Cardoso*, pelo auxílio e dicas com relação à utilização do programa INTERGEN.

Ao amigo *Bruno Valente*, pela amizade e pelas 'mini-aulas' sobre normas de reação e bayesiana, que tiveram papel fundamental na execução deste trabalho.

À companheira de trabalho e amiga *Elisângela Chicaroni de Mattos*, pelo apoio e contribuição na elaboração deste trabalho.

Aos amigos do Grupo de Melhoramento Animal da FZEA/USP *Leila, Priscila, Victor, Marina, Heloíse, Jane, Fernanda, Rachel, Cucco, Mário, Adalfredo, Miguel, Aline, Andrezza, Kika, Cristiano, Minos, Roulber, Chico, Alessandra, Rodrigo, Daniele, Sancho, Gérson, Ivan, Marcelo, Érica, Andréa, Rodrigo B., Saulo, Jaime, Lívia, Fábio, Prof. César, Arnaldo e Gilson,* pela amizade e companheirismo durante toda a minha pós-graduação.

Aos amigos brasileiros que fiz em Madison, *Annaiza, Luciana, Ana Angélica, Selma, Marcos, Juliana, Juliana G., Marcia, Fernanda, Karen e Waldirene,* pela amizade e bons momentos que passamos.

Aos amigos 'gringos' que fiz em Madison*, Mayuri, Gota, Ana, Gustavo, Okut, Nanye, John, Jay, Nick, Larry e Richard*, pelo acolhimento, amizade e intercâmbio entre culturas.

Às amigas *Ana Carolina* e *Teresa Alves*, pela sincera amizade.

A minha família, os Ribeiro, minha avó *Teresa, Douglas, André, Wanderléia, Jeanete (in memorian) e Maria Lúcia (in memorian)*, pelo amor e carinho.

Aos membros de minha nova família, os Giani, *D. Urania, Leonilda, Northon, Marcel, Ana, e Vitor*, pelo acolhimento e carinho.

Ao *Edward*, por ouvir minhas lamentações e conquistas, pela amizade, papos-cabeça, filosofias e bons conselhos.

A todos os demais, que direta ou indiretamente contribuíram para a execução deste trabalho e meu crescimento profissional.

"Vê mais longe a gaivota que voa mais alto".

Richard Bach

RESUMO

RIBEIRO, S. **Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas entre rebanhos e normas de reação utilizando abordagem bayesiana em bovinos de corte.** 2010. 156f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

O presente estudo teve por objetivo estudar os efeitos da interação genótipo x ambiente sobre as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos da raça Nelore. Foram analisados 58.032 registros de peso à desmama ajustados para 205 dias (PD), 46.032 registros de peso ao sobreano ajustados para 550 dias (PS) e 45.844 registros de ganho de peso da desmama ao sobreano ajustados para 345 dias (GP), originários de três rebanhos distintos. Os dados foram submetidos a dois métodos de análises: no primeiro, processaram-se análises uni-características para os rebanhos individuais e para o conjunto formado pelos três rebanhos, e análises tri-características para os dados de cada rebanho, em que as mesmas características foram consideradas como variáveis distintas. Foi utilizado o programa GIBBS2F90, sob abordagem bayesiana. As estimativas dadas pelas médias dos coeficientes de herdabilidade para PD, PS e GP variaram de 0,09 a 0,24, 0,24 a 0,44 e 0,09 a 0,31, respectivamente. Nesta mesma ordem, as correlações genéticas das mesmas características nos diferentes ambientes variaram de 0,88 a 0,93, 0,85 a 0,98 e 0,75 a 0,97. As correlações entre as DEPs dos touros nos ambientes variaram de 0,97 a 0,99, 0,69 a 0,95 e 0,77 a 0,98 para PD, PS e GP, respectivamente. No segundo método, utilizou-se um modelo de regressão aleatória para descrever alterações nos valores genéticos dos animais em função do gradiente ambiental, formado pelos grupos contemporâneos. As análises foram feitas pelo programa INTERGEN, também sob enfoque bayesiano. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para PD, PS e GP variaram de 0,06 a 0,44, 0,19 a 0,63 e 0,20 a 0,40, respectivamente. As correlações genéticas entre intercepto e inclinação das normas de reação foram de 0,75, para PD, 0,76 para PS e 0,34 para GP. As correlações entre os valores genéticos dos touros nos ambientes variaram de -0,38 a 0,99, 0,79 a 1,00 e 0,68 a 0,99 para PD, PS e GP, respectivamente. Os resultados de ambos os métodos apontaram efeito da interação genótipo x ambiente sobre as características nos rebanhos incluídos neste estudo, especialmente sobre a classificação dos touros.

Palavras-chave: Avaliação genética; inferência bayesiana; interação genótipo x ambiente; normas de reação, regressão aleatória; sensibilidade ambiental

ABSTRACT

RIBEIRO, S. **Genotype by environment interaction using genetic correlations between herds and reaction norms under bayesian approach in beef cattle**. 2010. 156f. PhD (Thesis) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

The objective of the present study was to evaluate the genotype by environment interaction effect on weaning weight, post-weaning weight and post-weaning weight gain in Nellore cattle. It were analyzed 58,032 records of weaning weight adjusted for 205 days (PD), 46,032 records of post-weaning weight adjusted for 550 days (PS) and 45,844 records of post-weaning weight gain adjusted for 345 days (GP), originated from three distinct herds. Those data were analyzed applying two different methods: in the first proceeding, the data set of the three herds separately and the data set composed by all herds in one was submitted to single-trait analysis, while a three-trait analysis considered the same trait as a distinct variables in different herds. The variance components were estimated by GIBBS2F90, under bayesian inference. The estimates given by the means of heritability coefficients for PD, PS and GP ranged from 0.09 to 0.24, 0.24 to 0.44 and 0.09 to 0.31, respectively. In the same sequence, the genetic correlation among the same traits in different environments varied from 0.88 to 0.93, 0.85 to 0.98 and 0.75 to 0.97. The correlation between sire's EPDs in the environments ranged from 0.97 to 0.99, 0.69 a 0.95 and 0.77 to 0.98 for PD, PS and GP, respectively. In the second method, a random regression model was performed in order to describe changes in breeding values as a function of the gradient environment, arranged by contemporary groups. The analyses were performed by INTERGEN, also under bayesian inference. The estimates of heritability coefficients for PD, PS and GP ranged 0.06 to 0.44, 0.19 to 0.63 and 0.20 to 0.40, respectively. The genetic correlation between level and slope of reaction norms were 0.75 for PD, 0.76 for PS and 0.34 for GP. The correlation between sire's breeding values in the environments ranged from -0.38 to 0.99, 0.79 to 1.00 and 0.68 to 0.99 for PD, PS and GP, respectively. The results of both methods shown effect of genotype by environment interaction over the traits in herds included in this study, especially over the ranking of sires.

Key-words: Bayesian inference, environmental sensitivity, genetic evaluation, genotype by environment interaction, random regression; reaction norms

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (6,48 kg) 71

Figura 2 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (4,33 kg) 71

Figura 3 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do conjunto de rebanhos R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (7,19 kg) 72

Figura 4 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (14,43 kg) 72

Figura 5 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (15,65 kg) 73

Figura 6 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (17,43 kg) 73

Figura 7 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamento dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (10,66 kg) 74

Figura 8 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (6,40 kg) 74

Figura 9 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (12,47 kg) 75

Figura 10 – Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de peso à desmama dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg) 76

Figura 11 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta para peso à desmama no gradiente ambiental 81

Figura 12 – Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade materna para peso à desmama no gradiente ambiental 81

Figura 13 – Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama 82

Figura 14 – Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama (à direita) 83

Figura 15 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para peso à desmama ..... [illegible]

Figura 16 – Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para peso à desmama 85

Figura 17 - Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de peso ao sobreano dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg) 86

Figura 18 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta para peso ao sobreano no gradiente ambiental 90

Figura 19 - Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama 91

Figura 20 – Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso ao sobreano (à direita) 92

Figura 21 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para peso ao sobreano 93

Figura 22 - Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para peso ao sobreano 93

Figura 23 - Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de ganho de peso da desmama ao sobreano dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg) 94

Figura 24 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta no gradiente ambiental para ganho de peso da desmama ao sobreano 97

Figura 25 - Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para ganho de peso da desmama ao sobreano 98

Figura 26 - Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para ganho de peso da desmama ao sobreano (à direita) 99

Figura 27 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para ganho de peso da desmama ao sobreano 100

Figura 28 - Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para ganho de peso da desmama ao sobreano 101

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Causas das eliminações e números de registros eliminados para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano..... 34

Tabela 2 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o rebanho de criação..... 34

Tabela 3 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o ano de nascimento..... 35

Tabela 4 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o sexo do animal..... 35

Tabela 5 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP),coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), segundo o rebanho de mensuração..... 36

Tabela 6 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP). 36

Tabela 7 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única 47

Tabela 8 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única 48

Tabela 9 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única 48

Tabela 10 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única 49

Tabela 11 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única 51

Tabela 12 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única 51

Tabela 13 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de

(co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única 51

Tabela 14 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única 52

Tabela 15 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única 53

Tabela 16 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única 53

Tabela 17 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única 54

Tabela 18 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única ... 54

Tabela 19 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica 55

Tabela 20 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica 56

Tabela 21 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica 56

Tabela 22 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e entre efeitos genéticos maternos, correlações genéticas diretas e correlações genéticas maternas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica peso à desmama, obtidas em análise tri-característica 57

Tabela 23 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica 59

Tabela 24 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica 60

Tabela 25 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de

(co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica 60

Tabela 26 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e correlações genéticas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica peso ao sobreano, obtidas em análise tri-característica 61

Tabela 27 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica 62

Tabela 28 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica 63

Tabela 29 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica 63

Tabela 30 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e correlações genéticas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidas em análise tri-característica 64

Tabela 31 – Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica peso à desmama obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica 66

Tabela 32– Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica peso ao sobreano desmama obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica 67

Tabela 33– Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica 68

Tabela 34 - Número total de touros e touros selecionados no rebanho completo (R1+R2+R3), bem como os índices de discordância (porcentagens de indivíduos selecionados no rebanho completo R1+R2+R3 não comuns aos selecionados nos rebanhos individuais R1, R2 e R3), para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano 69

Tabela 35 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para peso à desmama 77

Tabela 36 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância obtidas a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso à desmama 77

Tabela 37 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para os parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso à desmama 78

Tabela 38 - Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas e dos coeficientes de herdabilidade direta no gradiente ambiental para peso à desmama 80

Tabela 39 - Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas dos coeficientes de herdabilidade materna no gradiente ambiental para peso à desmama 80

Tabela 40 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para peso ao sobreano..... 87

Tabela 41 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso ao sobreano 88

Tabela 42 – Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas da variância genética aditiva direta e do coeficiente de herdabilidade 89

Tabela 43 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para ganho de peso da desmama ao sobreano..... 95

Tabela 44 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano 95

Tabela 45 – Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas da variância genética aditiva direta e do coeficiente de herdabilidade para o ganho de peso da desmama ao sobreano..... 97

LISTA DE APÊNDICES

APÊNDICE A..... 113
APÊNDICE B..... 117
APÊNDICE C..... 119
APÊNDICE D..... 121
APÊNDICE E..... 125
APÊNDICE F..... 127
APÊNDICE G..... 129
APÊNDICE H..... 131
APÊNDICE I..... 133
APÊNDICE J..... 135
APÊNDICE K..... 137
APÊNDICE L..... 139
APÊNDICE M..... 141
APÊNDICE N..... 143
APÊNDICE O..... 145
APÊNDICE P..... 147
APÊNDICE Q..... 148
APÊNDICE R..... 150
APÊNDICE S..... 152
APÊNDICE T..... 153
APÊNDICE U..... 155

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA 17

1.1 Considerações gerais 17

1.2 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em ambientes diferentes 18

1.3 Interação genótipo x ambiente via normas de reação 23

1.4 Utilização de inferência bayesiana em avaliações genéticas 29

2 OBJETIVOS 32

3 MATERIAL E MÉTODOS 33

3.1 Origem e dados analisados 33

3.2 Descrição dos dados 34

3.3 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em rebanhos diferentes 37

3.3.1 Modelos 38

3.3.2 Estimação dos componentes de (co)variância 40

3.3.3 Correlações de Pearson entre as diferenças esperadas nas progênies (DEPs) dos touros 41

3.4 Interação genótipo x ambiente via normas de reação 42

3.4.1 Modelos 42

3.4.2 Estimação dos componentes de (co)variância 43

3.4.3 Correlações de Pearson entre os valores genéticos dos touros 46

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO 47

4.1 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em rebanhos diferentes 47

4.1.1 Análises individuais para cada rebanho e para o rebanho completo, desconsiderando a interação genótipo x ambiente 47

A. PESO À DESMAMA 47

B. PESO AO SOBREANO 50

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO 52

4.1.2 Análises de características múltiplas, considerando a interação genótipo x ambiente 55

A. PESO À DESMAMA 55

B. PESO AO SOBREANO 59

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO 62

4.1.3 Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros 65

4.2 Interação genótipo x ambiente via normas de reação 76

A. PESO À DESMAMA 76

B. PESO AO SOBREANO 86

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO 94
5 CONCLUSÕES 102
6 IMPLICAÇÕES 102
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 103
APÊNDICES 112

1 INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA

1.1 Considerações gerais

Na prática do melhoramento animal, as decisões de seleção têm sido frequentemente tomadas entre grupos de animais criados em ambientes distintos, os quais podem diferir tanto na média de desempenhos, quanto na variabilidade, o que leva a diferentes estimativas de componentes de (co)variâncias e, conseqüentemente, à diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos.

Sabe-se que nas avaliações genéticas a pressuposição comumente assumida é a ausência de interação genótipo x ambiente, ou seja, as variâncias residuais e genéticas são consideradas constantes para todos os rebanhos participantes. Neste caso, são desconsiderados os níveis de produção e as variâncias particulares dos diferentes ambientes avaliados. Em alguns estudos de características de crescimento, tem crescido a preocupação sobre respostas dos indivíduos em função dos diferentes ambientes em que são avaliados. A interação genótipo x ambiente, quando não é devidamente detectada, implica em predição viesada dos valores genéticos, com conseqüente redução do progresso genético. Estendendo esta questão ao âmbito dos programas de avaliação genética, a avaliação dos mesmos touros em diferentes programas de melhoramento pode levar à análise de sub-amostras de filhos em cada programa, as quais são comparadas em diferentes bases genéticas. Consequentemente, o valor referente à Diferença Esperada na Progênie (DEP) dos touros poderá diferir entre os sumários, gerando flutuações na classificação dos reprodutores.

Estudos visando identificar e quantificar o impacto da interação genótipo x ambiente na avaliação genética de bovinos de corte se justificam pela importância na recomendação de animais geneticamente superiores, os quais tendem a ser criados em ambientes e sistemas de produção distintos.

A importância da interação genótipo x ambiente vem crescendo nos últimos anos devido à globalização das criações e do melhoramento animal (KOLMODIN e BIJMA, 2004). Segundo Calus et al. (2004), a interação genótipo x ambiente vem sendo incluída em alguns programas de avaliações internacionais, considerando países diferentes como características distintas. No entanto, este método ainda pode apresentar sérias limitações, já que os ambientes em que vivem animais de países pequenos são mais similares do que os ambientes de países de área extensa.

Diversos pesquisadores têm se preocupado com metodologias que visam identificar e corrigir o problema. A primeira proposta foi estabelecida por Lush (1945), o qual recomendou que os animais fossem ser mantidos em um meio no qual pudessem mostrar

prontamente quais os indivíduos que mais se aproximariam do ideal, ou seja, aqueles possuidores de todos os genes com efeitos desejáveis. Dois anos depois, Hammond (1947) concluiu que a seleção deveria ser praticada em ambiente mais favorável, para melhorar a acurácia da seleção em decorrência da maior expressão de genes de interesse econômico.

Segundo Cruz e Regazzi (1997), a existência da interação está associada a dois fatores: o primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado complexo, indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e a recomendação dos mesmos.

1.2 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em ambientes diferentes

O fenômeno no qual genótipos distintos respondem diferentemente a mudanças ambientais é conhecido como interação genótipo x ambiente, ou como diferenças na sensibilidade ambiental dos genótipos (FALCONER e MACKAY, 1996). Este tipo de interação pode causar reclassificação dos animais nos ambientes ou uma mudança em escala (LYNC e WALSH, 1998).

O conceito de correlação genética entre desempenho em ambientes diferentes foi introduzido por Falconer (1952), visando utilizar a taxa de resposta indireta (correlacionada), em relação à resposta direta, para determinar o ambiente ótimo para seleção. A idéia proposta é a de que um caráter medido em dois ambientes diferentes não deveria ser analisado como um único caráter, e sim como dois. A explicação do autor é que mecanismos fisiológicos são, de algum modo, diferentes, conseqüentemente os genes exigidos para maior desempenho são também diferentes. Se a correlação genética for alta, então o desempenho em dois ambientes representará aproximadamente o mesmo caráter, determinado pelo mesmo grupo de genes. Se a correlação for baixa, o caráter será muito diferente, e o desempenho exigirá um grupo diferente de genes.

Esta variedade de análise de interação genótipo x ambiente é denominada por alguns autores como modelo de ‘estado de caráter’, em que os valores fenotípicos em ambientes diferentes, bem como as correlações entre estes ‘estados de caráter’ são analisados. (DE JONG E BIJMA, 2002; KOLMODIN, 2003).

Henderson (1984) mostrou que um dado modelo poderia estar associado a quaisquer das seguintes situações, com relação aos componentes de variância:

1) Correlação genética igual à unidade entre méritos em cada ambiente. Esta situação inclui interações genótipo-ambiente que resultam de diferenças absolutas, variando entre avaliações dos candidatos em ambientes diferentes. Neste caso, as possibilidades são:

i) Variâncias genéticas aditivas e residuais iguais em todos os ambientes;

ii) Variâncias genéticas aditivas iguais, mas variâncias residuais com magnitude dependente dos ambientes. Conseqüentemente, as herdabilidades variarão entre ambientes;

iii) Variâncias genéticas aditivas que diferem de acordo com o ambiente e variâncias residuais constantes. As herdabilidades variarão com os ambientes;

iv) Variâncias genéticas e residuais proporcionalmente variáveis, tal que as herdabilidades permaneçam constantes entre os ambientes; e

v) Variâncias genéticas aditivas e residuais que mudam de tal forma, que as herdabilidades são variáveis.

2) Correlação genética menor que 1, entre desempenho dentro de ambientes diferentes.

A importância da interação genótipo x ambiente na determinação de um ambiente ótimo para seleção não tem sido bem estabelecida (NUNN et al., 1978). Segundo Tess et al. (1984), a presença de interação touro x rebanho para importantes características em bovinos de corte poderia levar a erros na seleção de touros e, conseqüentemente, à diminuição dos níveis de resposta à seleção. Alguns estudos têm demonstrado a presença de alterações significativas na ordem de classificação dos animais em desempenho ou mérito genético quando estes são comparados em diferentes regiões por meio de correlações genéticas da mesma característica entre ambientes (NUNN et al., 1978; DARNELL et al., 1987; NOTTER et al., 1992; NESER et al., 1998; SCHOEMAN & JORDAAN, 1998; SOUZA et al., 1998; NEPHAWE et al., 1999; FERREIRA et al., 2001; FIKSE et al., 2003; FRIDRICH et al., 2005; CARNEIRO et al., 2006; LOPES et al., 2008).

Dickerson (1962) sugeriu que parte do efeito da interação do reprodutor com o rebanho se deve à heterogeneidade de variância do resíduo e/ou da genética aditiva dentro de cada rebanho. De acordo com Van Vleck (1987), se as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada rebanho ou no ambiente representado por um conjunto de rebanhos, a seleção com base nos resultados obtidos das análises de características múltiplas em modelos mistos produziria uma avaliação de qualidade, a qual

poderia ser usada para selecionar otimamente touros ou vacas para produzirem em rebanhos ou em ambientes específicos.

Torres et al. (2000) afirmaram que a extensão do problema seria a origem da variabilidade dos rebanhos avaliados. Quando esta é causada por fatores ambientais, então a avaliação genética dos animais pode estar mais sob influência do ambiente no qual são criados que de seu potencial genético. Nesse sentido, na avaliação genética de reprodutores, torna-se importante considerar as condições de meio ambiente a que serão submetidos os seus descendentes, uma vez que a resposta em termos de produção está relacionada com essas condições. Quando se deseja fazer a avaliação genética de touros acasalados com fêmeas de diferentes rebanhos, são requeridas informações sobre a interação touro x rebanho e também a heterogeneidade de variâncias entre estes rebanhos (NUÑEZ-DOMINGUEZ et al.,1995).

Ferreira et al. (2001), estudando os efeitos da interação genótipo x ambiente em bovinos de corte, verificaram que os valores das variâncias foram acentuadamente maiores para as características comprovadamente afetadas por esta interação.

Estudando a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã, Campelo et al. (2003) afirmaram que, embora não tenha sido testado estatisticamente se as correlações entre as classes de alto e baixo desvio-padrão diferiram da unidade (pressupondo ambientes distintos de manejo), os resultados obtidos levaram a sugerir a expressão de conjuntos gênicos diferentes em cada situação, sugerindo a existência de interação genótipo x ambiente. Também em estudos com heterogeneidade de variâncias, Carneiro et al. (2006) observaram erros na classificação de touros, vacas e jovens touros geneticamente superiores.

Partindo deste mesmo princípio, Carvalheiro et al. (2002), alertaram que, se correções não forem feitas, rebanhos que praticam seleção intensa e que apresentam níveis acentuados de heterogeneidade de variância residual podem ter seus animais classificados de maneira incorreta.

Se a classificação de um animal se altera entre ambientes, isto indica a presença de interação genótipo x ambiente, sugerindo que indivíduos selecionados em um ambiente não podem manter sua superioridade genética na íntegra, quando transferidos para outros ambientes. Deste modo, a habilidade de se identificar animais geneticamente superiores, essencial para maximizar o progresso genético, é dificultada pela presença desta interação. Além disso, as acurácias das estimativas de valor genético em diferentes ambientes serão reduzidas, caso estas interações sejam importantes. A não ser que o touro tenha progênies em muitos ambientes, qualquer efeito da interação seria confundido com a estimativa de

mérito genético (ELER et al., 2000). Para Donoghue e Bertrand (2004), a combinação de diferentes regiões em uma única análise na elaboração de um conjunto comum de valores genéticos vai depender do desenvolvimento de métodos de ajuste para parâmetros heterogêneos, em modelos contendo efeitos diretos e maternos, e para circunstâncias onde diferentes níveis de variância ou herdabilidade não se fazem presentes entre estas populações.

Dentro desse contexto, o crescente uso da inseminação artificial pode ser causa de preocupação para a seleção de touros, como relatado por Nunn et al. (1978). A utilização desta tecnologia tem tornado possível para os touros produzirem descendentes em qualquer lugar no país ou até mesmo fora dele. Conseqüentemente, touros podem ser utilizados em ambientes muito diferentes daqueles nos quais seu desempenho e progênie foram testados (TESS et al., 1984). Por estas e outras razões, Bolze (1998) relatou que os criadores estão sendo encorajados a adquirir doses de sêmen ou touros que tenham sido criados e avaliados em ambientes similares aqueles nos quais suas progênies irão se desenvolver.

Uma alternativa para o problema seria a quantificação dos possíveis efeitos causados pelas diferenças ambientais por meio da inclusão da interação genótipo x ambiente como fonte de variação nos modelos animais utilizados na avaliação de parâmetros genéticos. A maioria dos resultados que tem examinado registros de desenvolvimento ponderal considerando a interação reprodutor x ambiente tem envolvido análises de variância com a inclusão de componentes desta interação no modelo (REIS & LOBO, 1991). A inclusão da interação genótipo x ambiente, seja touro x rebanho, touro x grupo contemporâneo ou touro x ano de nascimento do bezerro, no modelo, pode ser um procedimento adequado para melhorar a ordenação dos reprodutores (ELER et al., 2000).

Segundo alguns autores, as diferenças substanciais de covariância entre efeitos genéticos diretos e maternos em diferentes regiões podem ser resultantes da ação da interação genótipo x ambiente (MEYER, 1992; ELER et al., 1995; ROBINSON, 1996). Robinson (1996) constatou que grande proporção da correlação negativa entre os efeitos direto e materno para o peso à desmama pode ter sido causada pela interação do tipo touro x ano, a qual é especialmente importante quando uma grande quantidade de reprodutores é introduzida na população a cada ano. Através da inclusão da interação touro x rebanho como componente aleatório no modelo animal, Eler et al. (2000) verificaram que as correlações genéticas entre efeitos direto e materno se aproximaram de zero, ou tornaram-se até mesmo positivas. Porém, quando a interação foi omitida, as correlações foram negativas. Para estes autores a covariância, em geral negativa, pode estar inflada em sua magnitude pela interação, forçando os animais com DEPs positivas para peso a apresentarem DEPs negativas para habilidade materna e vice-versa.

Análises de dados de campo têm indicado a presença de correlações genéticas significativas entre informações de desempenho dos animais em diferentes ambientes, tanto entre regiões dentro de um mesmo país quanto entre países. Neser et al. (1998), encontraram este efeito sobre o peso à desmama de bovinos da raça Bonsmara em duas regiões da África do Sul, sugerindo uma possível re-classificação dos touros entre estas regiões. O mesmo foi constatado por Nunn et al. (1978) em animais da raça Simental distribuídos em oito regiões dos Estados Unidos, onde o efeito da interação touro x região não foi significativo para peso ao nascimento, porém foi suficientemente pronunciado para peso à desmama. Para esta mesma característica, Espasandin et al. (2005) analisaram os valores genéticos e as classificações de touros da raça Angus do Brasil e do Uruguai, considerando ou não as interações genótipo x país. Estimaram-se as correlações de ordem entre os valores genéticos dos touros comuns a ambos países, obtidos pelos diferentes modelos. Tanto as correlações genéticas, quanto às de ordem dos valores genéticos dos touros apontaram efeitos da interação genótipo x ambiente sobre o caráter analisado e sobre a classificação dos reprodutores nos diferentes ambientes.

A alteração da classificação de touros também foi observada por Toral et al. (2004) para as características peso ao nascimento, aos 205, 365 e 550 dias, em bovinos Nelore provenientes de três regiões do estado de Mato Grosso do Sul. Lopes et al. (2008) observaram baixas correlações entre as DEPs de animais avaliados em diferentes ambientes na região Sul do Brasil, para peso ao nascimento, peso à desmama e peso ao sobreano na raça Nelore.

Como justificativa para a baixa correlação constatada para peso a desmama de bovinos Nelore entre três regiões do Brasil, Souza et al. (1998) apontaram o fato de que os efeitos genéticos que controlam o peso a desmama em uma região não coincidem em sua totalidade com os efeitos que controlam esta mesma característica na outra região em questão. Estudando o efeito deste tipo de interação sobre os pesos à desmama e ao sobreano em cruzamentos de bovinos de corte, Teixeira et al. (2006), relataram que todos os grupos genéticos foram influenciados pelo efeito de região, onde todos os genótipos foram beneficiados no ambiente menos restritivo. Além disso, observou-se tendência de que o aumento da proporção de genes zebuínos promoveu diminuição na diferença de desempenho entre as regiões.

O ganho de peso pós-desmama também mostrou ser afetado pelo efeito da interação genótipo x ambiente, segundo o que foi encontrado por Lee e Bertrand (2002) em estudos envolvendo populações da raça Hereford distribuídas entre Argentina, Canadá, Uruguai e Estados Unidos. No entanto, foram verificados que os pesos ao nascimento e a desmama podem ser analisados como a mesma característica em todos os países

estudados, uma vez que não houve interação genótipo x ambiente pronunciada. Resultados semelhantes foram encontrados por Ferreira et al. (2001), os quais não evidenciaram efeito da interação genótipo x ambiente até a desmama em animais Nelore. Porém, no período pós-desmama, seu efeito foi considerado elevado. Ainda na raça Nelore, Simonelli et al. (2004) verificaram baixas correlações genéticas para peso à desmama, peso ao ano e ao sobreano entre cinco regiões do Estado de Mato Grosso do Sul. Na raça Tabapuã, Fridrich et al. (2005) constataram influência da interação genótipo x ambiente sobre a classificação dos touros para o peso aos 205 e 365 dias.

1.3 Interação genótipo x ambiente via normas de reação

O fenótipo de um organismo é determinado não somente pelos seus genes, mas também pela nutrição, temperatura, condições sociais e muitos outros aspectos de seu ambiente. Assim, indivíduos de determinado genótipo podem variar em fenótipo porque passaram por diferentes condições ambientais. A norma de reação de um genótipo é a variedade de diferentes fenótipos que ele pode ter, expressos em diferentes ambientes. Genótipos diferentes frequentemente diferem em suas normas de reação (FUTUYAMA, 1942).

Os modelos de normas de reação são utilizados para especificar a plasticidade fenotípica, que consiste na propriedade de um organismo de determinado genótipo desenvolver diferenças sistemáticas em ambientes distintos. Este efeito pode ocasionar a reclassificação dos animais ou apenas causar diferenças em escala entre os ambientes (CALUS e VEERKAMP, 2003). Assim, a norma de reação descreve a expressão fenotípica de um genótipo como uma função do ambiente.

A aplicação de normas de reação é bastante útil em estudos de interação genótipo x ambiente, especialmente quando o fenótipo se altera gradualmente em um gradiente ambiental contínuo, assumindo-se que as normas de reação são funções lineares do ambiente (KOLMODIN, 2003). Uma norma de reação é estimada por meio da regressão dos valores fenotípicos médios em cada nível do gradiente ambiental, o que pode ser feito através dos valores fenotípicos de indivíduos aparentados do animal de interesse, uma vez que o mesmo indivíduo não pode ser mensurado em vários ambientes ao mesmo tempo.

Vários são os gradientes ambientais que podem ser utilizados em estudos de normas de reação, como por exemplo, níveis de produção, climáticos, qualidade nutricional, etc. Os ambientes mais complexos podem ser quantificados por meio do desempenho médio de todos os genótipos em cada ambiente (KOLMODIN, 2003). Fikse et al. (2003) avaliaram diferentes descritores ambientais no estudo de interação genótipo x ambiente, na tentativa de distinguir ambientes similares de não similares. Avaliaram-se 15 variáveis que

medem aspectos de manejo, composição genética e climática como níveis ambientais para registros de primeira lactação em vacas Guernsey em quatro países. Nove variáveis foram identificadas como significativas, dentre elas o tamanho do rebanho, desvio-padrão da produção de leite intra-rebanho, pico de produção de leite, idade à primeira cria, e até o volume de chuva anual.

Um aspecto importante abrangido pelas normas de reação compreende a sensibilidade do indivíduo ao ambiente, a qual pode apresentar variações entre os ambientes em função de seu componente genético. Assim, torna-se possível a inclusão deste componente nos critérios de seleção, o que auxiliaria no controle do comportamento dos fenótipos em função do ambiente. Em um modelo de normas de reação, a sensibilidade ao ambiente é definida como a primeira derivada da função da norma de reação, isto é, a inclinação da norma de reação linear (DE JONG, 1995). A ausência de restrições em torno do componente genético da sensibilidade em programas de avaliação genética pode levar indiretamente à seleção de genótipos mais sensíveis, colocando a população em direção a um aumento excessivo da plasticidade fenotípica. Por exemplo, a seleção em ambientes de alta produção captura indiretamente indivíduos com maior capacidade de resposta a este tipo de tratamento, transmitindo esta característica a gerações futuras. Este aspecto é vantajoso quando se levam em conta apenas os ambientes favoráveis. No entanto, é importante lembrar que em ambientes desfavoráveis estes genótipos serão também os mais prejudicados.

Alguns autores sugerem a incorporação da plasticidade fenotípica nas avaliações genéticas, buscando o aumento da robustez dos genótipos nas populações (DE JONG e BIJMA, 2002; PÉGOLO et al., 2009). Por robustez entende-se a menor variação do fenótipo em resposta a fatores ambientais como consequência do seu menor grau de sensibilidade. Já os indivíduos com genótipos ‘plásticos’ seriam aqueles com maior variação do fenótipo nos ambientes. Falconer (1990) se refere a este tipo de seleção como seleção ‘sinergística’, em que os efeitos da seleção e do ambiente agem de modo a alterar o fenótipo na mesma direção. Ou seja, selecionar “para cima” em ambientes bons e “para baixo” em ambientes ruins provocaria aumento da sensibilidade ao ambiente. A redução da sensibilidade ambiental seria mais efetiva, de acordo com este mesmo autor, por meio da seleção ‘antagonística’, em que seleção e ambiente agem em direções contrárias.

De acordo com a revisão de De Jong e Bijma (2002), a plasticidade fenotípica como resultante da heterogeneidade de ambientes durante o processo de evolução também é objeto de estudos da biologia evolutiva, uma vez que esta enfatiza a seleção natural, ou seja, a seleção gerando aptidão. Estes autores estudaram modelos para plasticidade fenotípica através de metodologias utilizadas pela genética evolutiva e genética quantitativa,

em que ambas descrevem a seleção como a covariância entre fenótipo e aptidão. Segundo estes autores, existem diversas variantes de modelos de seleção para plasticidade fenotípica na biologia evolutiva. Dentre elas, o modelo de 'estado de caráter', o modelo de dimensão-infinita e modelo de norma de reação. Estes correspondem respectivamente, nos termos de genética quantitativa, aos modelos de características múltiplas, modelo de função de covariância e modelo de regressão aleatória. A conclusão foi de que os modelos de plasticidade fenotípica devem servir de auxílio para a seleção de animais robustos, ou ainda para otimizar os programas que selecionam material genético para múltiplos ambientes.

Segundo Kirkpatrick e Heckman (1989), quando a variável ambiental está continuamente distribuída, cada genótipo é capaz de expressar, teoricamente, um número infinito de fenótipos. Por essa razão, as normas de reação podem ser entendidas como 'características de dimensão-infinita'. Kirkpatrick e Bataillon (1999) afirmam que a teoria genético-quantitativa para características de dimensão infinita, as normas de reação, constituem-se por si só numa estrutura natural para uso da informação da plasticidade fenotípica para melhorar a eficiência da seleção artificial. Por exemplo, se considerarmos como uma característica é expressa como função de uma variável ambiental contínua: a função média $\bar{z}(x)$ simplesmente fornece o valor médio da característica no ambiente x. O valor da função de covariância fenotípica $P(x_1, x_2)$ é igual à covariância fenotípica entre a característica exposta aos ambientes x_1 e x_2. Da mesma maneira, o valor da função de covariância $G(x_1, x_2)$ fornece a covariância genética entre a expressão da característica nestes ambientes (KIRKPATRICK e BATAILLON, 1999).

Fikse et al. (2003) também defendem as características de dimensão-infinita como ferramentas para seleção na presença de interação genótipo x ambiente. Segundo os mesmos, se o ambiente pode ser medido como uma variável contínua, uma função de covariância pode ser usada para descrever um número infinito de características separadamente ao longo do gradiente ambiental. Estas funções de covariância podem ser estimadas diretamente dos dados por meio de um modelo de regressão aleatória (FIKSE et al., 2003). Um modelo de norma de reação por regressão aleatória é equivalente a uma função de covariância em modelos para características longitudinais, em que ambos os modelos ajustam uma estrutura de (co)variância de medidas repetidas ao longo de uma trajetória (MEYER e HILL, 1997). No entanto, a predição das normas de reação em limites ambientais que vão além daqueles em que são encontrados os dados deve ser feita com cautela, pois o aumento linear no valor fenotípico poderá ser limitado por razões biológicas (KOLMODIN, 2003).

De acordo com o que foi revisado por Kolmodin (2003), dentre as vantagens dos modelos de regressão aleatória sobre os modelos multi-característicos tradicionais está a menor exigência de recursos computacionais, uma vez que um menor número de parâmetros precisa ser estimado. Além disso, a característica é descrita em todos os pontos da trajetória, e não apenas em um número fixo de pontos. Assim, as medidas em qualquer idade ou qualquer ambiente podem ser usadas sem o ajuste em direção a um ponto fixo. Outra vantagem seria uma predição mais acurada da resposta à seleção, já que os componentes de (co)variância são estimados com maior acurácia, além das respostas diretas e correlacionadas em todos os pontos ao longo da trajetória serem levadas em conta, e não apenas nos pontos com observações.

Outros autores também citam justificativas para o modelo de regressão aleatória ser preferível aos tradicionais modelos de características múltiplas. Segundo Valente et al. (2008), a abordagem descontínua de uma característica que se expressa continuamente em uma trajetória, por exemplo, de idade, pode comprometer a acurácia da seleção. Por outro lado, Nobre et al. (2003) não verificaram propriedades vantajosas dos modelos de regressão aleatória sobre os modelos tradicionais. Estes autores compararam modelos de características múltiplas e modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas de bovinos de corte, constatando que as DEPs estimadas por meio de regressões aleatórias podem não serem acuradas em razão das inadequadas propriedades numéricas deste tipo de modelo. Mesmo que estas propriedades sejam melhoradas através da ortogonalização das covariáveis (como por exemplo, os polinômios de Legendre), a estimação das DEPs pode não ser melhor que as do modelo multi-característico se as estimativas dos parâmetros forem inadequadas.

A pressuposição comumente assumida é a de que as normas de reação são lineares, ou seja, os genótipos respondem linearmente a um gradiente ambiental contínuo. Esta seria a forma mais simples de descrever a sensibilidade ambiental do genótipo como uma função do ambiente, e foi assumida por vários autores em estudos envolvendo características de produção de leite (CALUS et al., 2002; KOLMODIN, 2003; FIKSE et al., 2003; KOLMODIN e BIJMA, 2004), e características de crescimento em bovinos de corte (CARDOSO e OLIVEIRA, 2008; CORRÊA et al., 2009; MATTAR, 2009).

As normas de reação também podem ser expressas por funções de ordem mais elevada, como as quadráticas, por exemplo. Quando as normas de reação não são lineares, a plasticidade não é a mesma em todo o gradiente ambiental. Normas de reação quadráticas têm sido estimadas para produção de leite e características de crescimento de bovinos de corte (KOLMODIN et al., 2003; PÉGOLO et al., 2009). Kolmodin et al. (2003) afirmaram que uma norma de reação sigmóide descreveria uma característica com duas

classes fenotípicas, ou ainda, uma situação em que a faixa dos valores fenotípicos da característica de interesse tem assíntotas máximas e mínimas.

Um ponto que vem sendo discutido em modelos de normas de reação diz respeito ao modo de mensuração dos valores do gradiente ambiental. No modelo clássico de normas de reação, o valor ambiental é medido como a média dos desempenhos apresentados por todos os genótipos naquele ambiente, sendo este valor utilizado como uma estimativa da covariável que se desconhece no modelo. Em outras palavras, as soluções dos níveis do gradiente ambiental oriundas de uma análise prévia são computadas como estimativas desta covariável. De acordo com Su et al. (2006), uma função dos dados como covariável no modelo pode ser insatisfatória. A incerteza embutida em considerar as médias fenotípicas como parâmetros conhecidos pode resultar em representações enganosas dos reais valores ambientais. Consequentemente, inferências sobre valores ambientais inapropriados podem podem levar à classificação incorreta dos animais (SU et al., 2006).

Calus et al. (2004) foram os primeiros a proporem estimações de valores ambientais através de um procedimento iterativo, em que o efeito ambiental estimado em uma determinada iteração é usado como covariável na próxima iteração. Os autores observaram uma significativa redução do viés na estimação dos componentes de variância usando esta abordagem.

Su et al. (2006) desenvolveram uma metodologia que infere valores ambientais simultaneamente com outros parâmetros do modelo, a qual foi implementada sob abordagem bayesiana por meio do método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Neste método são geradas amostras da distribuição *posteriori* conjunta – ou marginal – dos parâmetros do modelo, através da repetição de amostragens das distribuições *posterioris* condicionais completas. O método foi testado usando dados simulados e levou a estimações de parâmetros com viés não detectáveis, além de menores quadrados médios dos erros do que aqueles obtidos pelas aproximações convencionais.

O estudo da interação genótipo x ambiente utilizando normas de reação vem crescendo nos últimos anos, a princípio sendo utilizado em dados de gado leiteiro, e mais atualmente em características de bovinos de corte (FIKSE et al., 2003; KOLMODIN e BIJMA, 2004; CARDOSO e OLIVEIRA, 2008; CORRÊA et al., 2009; PÉGOLO et al., 2009).

Calus e Veerkamp (2003) estudaram os efeitos da sensibilidade ambiental em características de produção de leite para 14 parâmetros ambientais, além de investigarem o impacto da combinação de características com diferentes sensibilidades ao ambiente através de um índice econômico. A produção de leite, gordura e proteína apresentaram sensibilidade ambiental em combinação com 12 parâmetros ambientais. Os níveis de

proteína, escore corporal, idade ao parto, intervalo entre partos e a 'data pico' de parto foram as variáveis ambientais que mais explicaram a interação genótipo x ambiente. Observaram-se consideráveis efeitos de escala nos pesos do índice econômico.

Kolmodin et al. (2003) estudaram a seleção para altos valores fenotípicos na presença de interação genótipo x ambiente. Foram usados três tipos de normas de reação (linear, quadrática e sigmóide), e dois esquemas de seleção (seleção massal e por teste de progênie) em dados simulados. Os resultados evidenciaram que a sensibilidade ao ambiente aumentou em resposta à seleção para altos valores fenotípicos quando as normas de reação foram lineares ou quadráticas. Nas normas de reação sigmóides, que seriam aproximações para características de limiar, a sensibilidade ao ambiente aumentou dentro dos limites abrangidos pelo limiar. Os autores verificaram que, pelo método da seleção massal, a sensibilidade ambiental aumentou para os três casos de normas de reação.

Em bovinos da raça Devon, Corrêa et al. (2009) estudaram a influência da interação genótipo x ambiente sobre o ganho pós-desmama e compararam modelos para o ajuste desta característica via normas de reação. Os modelos contemplaram variâncias residuais homogêneas e heterogêneas, e foram comparados utilizando os Critérios de Informação *Deviance*, Fatores de Bayes e Pseudo Fatores de Bayes. Os autores constataram que o modelo que incluía variâncias residuais homogêneas proporcionou melhor ajuste dos dados.

O trabalho de Pégolo et al. (2009) comparou modelos de análise univariada com modelos de regressão aleatória de primeira ordem para seis variáveis ambientais: desvios-padrão de grupo rebanho-ano (1) e de grupo rebanho-ano-estação-manejo (2) para peso aos 450 dias, desvios-padrão de grupo rebanho-ano (3) e grupo rebanho-ano-estação-manejo (4) para ganho de peso dos 365 aos 450 dias e dois algoritmos iterativos que usam soluções de análises prévias para as a estimativas dos grupos rebanho-ano-estação-manejo para peso aos 450 dias (5) e ganho de peso (6). Os modelos de regressão aleatória apresentaram tendências similares para estimativas de componentes de (co)variância e coeficientes de herdabilidade ao longo do gradiente ambiental. As correlações genéticas apresentaram valores menores que 0,5 entre os extremos do gradiente ambiental. Os autores constataram que as correlações entre as DEPs estimadas via regressão aleatória e via análise uni-característica foram maiores nos ambientes intermediários e favoráveis.

Mattar (2009) investigou a presença de interação genótipo x ambiente via normas de reação obtidas por regressão aleatória utilizando abordagem bayesiana para a característica peso ao sobreano na raça Canchim. Foi utilizada a metodologia proposta por Su et al. (2006), em que o gradiente ambiental foi estimado simultaneamente com a norma

de reação, por meio dos desvios médios de peso ao sobreano dos grupos de contemporâneos. O autor observou alta correlação genética entre o intercepto e a inclinação da norma de reação, e sugeriu que os animais de maior média de valor genético foram os que mais responderam às melhorias no ambiente, caracterizando o efeito de escala em interação genótipo x ambiente.

Modelos hierárquicos bayesianos foram aplicados em dados de ganho de peso pós desmama na raça Angus por Cardoso et al. (2007) , em estudos de interação genótipo x ambiente via normas de reação. Foram utilizados três modelos: o primeiro, um modelo animal, ignorando a interação genótipo x ambiente. Os outros dois modelos compreenderam modelos hierárquicos de normas de reação, sendo um deles em dois passos (que utiliza as soluções de grupos contemporâneos previamente estimadas pelo modelo animal como nível ambiental) e o outro, que estima simultaneamente estes dois parâmetros em passo único. As análises foram comparadas pelo Critério de Informação *Deviance*, em que o modelo em um passo foi o que apresentou melhor ajuste aos dados, seguido pelo modelo em dois passos e por último o modelo animal. Os autores detectaram efeito de escala da interação genótipo x ambiente, além de maior sensibilidade ambiental dos touros importados (ou filhos de touros importados) da América do Norte em comparação a touros nacionais filhos de pais nacionais.

1.4 Utilização de inferência bayesiana em avaliações genéticas

A inferência bayesiana vem sendo utilizada recentemente como metodologia para a estimação de méritos genéticos. A aplicação de métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), dentre os quais se destaca a amostragem de gibbs, pode ser utilizada como ferramenta para a inferência bayesiana. A amostragem de gibbs é uma técnica de integração numérica por simulação, muito usual em situações nas quais a integração analítica completa é impossível. É aplicável à estimação de componentes de variância que permite, por suas propriedades, a inferência bayesiana (MAGNABOSCO et al., 2001).

O uso da estatística bayesiana pode superar algumas das limitações da metodologia REML, mas requer a integração de complexas funções de densidade (LUO et al., 2001). Assim, procedimentos como o amostrador de gibbs evitam esta necessidade, através do uso dos valores obtidos após cada convergência como amostragens da distribuição posterior. Porém, para Duangjinda et al. (2001), esta particularidade das análises do amostrador de gibbs em envolver amostras de um conjunto de dados traz a desvantagem de cada amostragem poder alterar a estrutura de dados da população, e então gerar parâmetros viesados.

Para Van Tassell e Van Vleck (1996), o uso de análises bayesianas via amostrador de gibbs cumprem o papel de expandir os métodos disponíveis para análises de dados zootécnicos. Segundo estes mesmos autores, esta metodologia vem sendo utilizada em várias aplicações no melhoramento animal, possibilitando a estimação de parâmetros os quais não seriam possíveis com a utilização de metodologias baseadas em análises de verossimilhança, como por exemplo, grandes conjuntos de dados ou modelos mais complexos.

Gianola e Fernando (1986) afirmaram que o método bayesiano oferece potencialmente maior clareza de parâmetros, além de ser mais apropriado para modelos complexos comparados ao método REML. Já para Blasco (2001), se o pesquisador não está interessado nos problemas "filosóficos" associados à obtenção de resultados, mas sim em ferramentas para obter estes resultados, ambas as metodologias são bem estabelecidas, não havendo necessidade de justificar o porquê de uma ou outra ser preferível. A escolha estaria baseada em soluções que uma metodologia ofereceria e a outra não, em quão facilmente os problemas seriam resolvidos e a maneira com que são expressos os resultados de cada uma delas.

Várias pesquisas têm aplicado a inferência bayesiana para estimar parâmetros de características de distribuição normal (MASCIOLI et al., 2000; GIANLOURENÇO et al., 2003; FALCÃO et al., 2005a; FALCÃO et al., 2005b).

Estudando a produção leiteira de bovinos da raça holandesa, Falcão et al., (2005a) constataram que a estimativa bayesiana da variância genética foi significativamente superior àquela estimada pelo REML. Segundo estes mesmos autores, embora ainda pouco utilizado nos programas de melhoramento, os procedimentos bayesianos permitem uma exploração mais adequada e minuciosa acerca dos parâmetros de interesse, diferente dos métodos frequentistas. A possibilidade de incorporação de conhecimento prévio sobre os componentes de variância de outras populações pode reduzir a incerteza sobre os valores genéticos dos animais candidatos à seleção.

No que concerne à estimação de parâmetros genéticos de características categóricas, a predição por meio de Melhores Preditores Não Viesados (BLUP) tem sido extensivamente utilizada, embora estes tipos de dados violem a suposição de uma distribuição normal (LUO et al., 2001).

Recentemente, o amostrador de gibbs tem sido utilizado como ferramenta para a inferência bayesiana em modelos com dados categóricos (SORENSEN et al., 1995; LUO et al., 2001; SILVA et al., 2003), onde os resultados sugerem que a utilização de métodos não-

lineares nestas ocasiões seriam mais convenientes para detectar variações genéticas em relação aos métodos lineares.

No início da década de 80, foi introduzido nas metodologias de melhoramento animal o Modelo de Limiar (GIANOLA e FOULLEY, 1983). O modelo de limiar relaciona a resposta observada na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua.

Para a aplicação da amostragem de gibbs, é necessário que se conheça a distribuição posterior condicional de cada parâmetro do modelo (SILVA et al., 2003). Quando se supõe um modelo de limiar, algumas das distribuições condicionais não são completamente definidas. De acordo com Sorensen et al. (1995) este problema pode ser superado se uma variável subjacente contínua for incluída como um parâmetro desconhecido no modelo, conduzindo à definição de distribuições posteriores condicionais simples para todos os parâmetros. Weller et al.(1988) compararam as estimativas de parâmetros genéticos obtidos através de modelo linear e modelo de limiar, encontrando maiores herdabilidades na utilização do modelo de limiar para variáveis categóricas.

Estudando a habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore, Silva et al., (2003) utilizaram a amostragem de gibbs para estimar os componentes de variância e um modelo de limiar de máximo *a posteriori* para predizer os valores genéticos. Estes autores observaram que as estimativas de herdabilidades foram superiores às encontradas na literatura onde foram utilizados métodos lineares.

Pouco tem sido encontrado sobre a aplicação de estatística bayesiana em estudos da influência da interação genótipo x ambiente sobre características produtivas, principalmente quando o método utilizado é o de análise de características múltiplas, em que geralmente é utilizada a metodologia REML.

Estudando características de peso em bovinos Canchim através de análise bayesiana, Mascioli et al. (2000) obtiveram resultados sugestivos de que há evidências de interação entre o genótipo e a época de nascimento dos animais. Simonelli et al. (2004) também observaram a existência de interação genótipo x ambiente ao pesquisar características de peso por meio da inferência bayesiana em cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul.

Em características de produção leiteira na raça holandesa, Falcão et al. (2004) constataram, através de metodologia bayesiana, baixos valores das correlações genéticas entre cinco estados brasileiros, evidenciando a ocorrência da interação genótipo x ambiente e possíveis alterações na ordem do posto dos reprodutores.

Cardoso et al., (2005) estudaram a interação genótipo x ambiente no ganho de peso pós-desmama de bovinos Angus através de normas de reação ao ambiente usando

abordagem bayesiana. O modelo utilizado proporcionou ajuste superior aos dados em relação ao modelo animal, demonstrando um efeito substancial da interação genótipo x ambiente sobre a característica estudada.

2 OBJETIVOS

O presente estudo teve por objetivos avaliar a influência da interação genótipo x ambiente sobre as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, por meio de duas metodologias:

i) Análises de características múltiplas, em que as mesmas características foram consideradas como variáveis distintas nos ambientes, representados por três rebanhos;

ii) Análises por regressão aleatória, em que foram desenvolvidas normas de reação dos valores genéticos dos animais em função do gradiente ambiental, representado por grupos contemporâneos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Origem e dados analisados

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos junto ao Laboratório de Melhoramento Animal *Dr. Gordon Dickerson*, pertencente ao Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (ZAB-FZEA/USP), em Pirassununga, São Paulo. As características avaliadas foram o peso à desmama (ajustada para 205 dias), peso ao sobreano (550 dias) e ganho de peso da desmama ao sobreano (ganho em 345 dias), cujos dados referem-se ao controle de desenvolvimento ponderal de animais da raça Nelore, provenientes de três rebanhos (neste estudo designados como R1, R2 e R3) pertencentes à empresa Agropecuária CFM Ltda. Dois dos rebanhos estão localizados na região oeste do estado de São Paulo e um no estado de Mato Grosso do Sul.

Para peso a desmama, o sistema de determinação dos grupos de contemporâneos (GC) teve por base a classificação dos indivíduos pertencentes ao mesmo ano de nascimento, sexo, fazenda e grupo de manejo do nascimento a desmama. O grupo de manejo do nascimento a desmama é definido como sendo o lote de animais submetidos às mesmas condições de manejo, alimentação e pastagens. Para formação dos grupos contemporâneos para peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, além dos efeitos supracitados foram incluídos os grupos de manejo da desmama ao sobreano. As características foram previamente ajustadas para o efeito de idade à mensuração.

O conjunto inicial de dados era composto por cerca de 120.000 informações. Os dados foram editados para eliminar registros que apresentavam erros, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos, progênies de touros que só apareciam em um rebanho e progênies de touros que possuíam menos de cinco filhos por rebanho. Além destas eliminações, as classes de grupos contemporâneos com menos de cinco observações foram descartadas. Os conjuntos finais dos dados para as análises ficaram constituídos por 58.032, 46.032 e 45.844 registros de peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, respectivamente. As eliminações feitas nos conjuntos de dados encontram-se na Tabela1.

Tabela 1 - Causas das eliminações e números de registros eliminados para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano

Causas de Eliminação	Peso à desmama	Peso ao sobreano	Ganho de peso
Número de registros no arquivo original	119.367	97.104	96.708
Animais filhos de touros desconhecidos	35.438	29.053	28.884
Animais com registros maiores que a média mais 3 desvios-padrão e menores que a média menos 3 desvios-padrão	349	116	112
Progênies de touros que apareceram em apenas um rebanho	22.421	18.475	18.457
Progênies de touros que possuíam menos de cinco filhos por rebanho	29	384	386
Grupos contemporâneos com menos de cinco animais	3.098	3.044	3.025
Número de registros nos arquivos finais	58.032	46.032	45.844

As matrizes de parentesco totalizaram 97.448 animais para a característica peso à desmama, 79.992 animais para peso ao sobreano e 79.679 animais para ganho de peso da desmama ao sobreano.

3.2 Descrição dos dados

A distribuição das características de desenvolvimento ponderal dos animais nos arquivos finais, por rebanho, encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o rebanho de criação

	PD		PS		GP	
Rebanho	N	%	N	%	N	%
R1	14.570	25,11	11.508	25,00	11.461	25,00
R2	11.176	19,26	6.151	13,36	6.054	13,21
R3	32.286	55,63	28.373	61,64	28.329	61,79
Totais	58.032	100,00	46.032	100,00	45.844	100,00

Na Tabela 3 encontram-se as distribuições, por ano de nascimento, das três características dos animais nos arquivos finais.

Tabela 3 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o ano de nascimento

Ano de	**PD**		**PS**		**GP**	
Nascimento	N	%	N	%	N	%
1987	192	0,33	81	0,18	81	0,18
1988	543	0,94	469	1,02	473	1,03
1989	716	1,23	660	1,43	669	1,46
1990	651	1,12	518	1,13	518	1,13
1991	1109	1,91	992	2,16	998	2,18
1992	1062	1,83	1045	2,27	1046	2,28
1993	1665	2,87	1356	2,95	1356	2,96
1994	2384	4,12	1927	4,19	1916	4,18
1995	4728	8,15	3069	6,67	3057	6,67
1996	4980	8,58	3372	7,33	3344	7,29
1997	4205	7,25	2914	6,33	2907	6,33
1998	3871	6,67	3123	6,78	3118	6,80
1999	5492	9,46	4409	9,58	4349	9,49
2000	4558	7,85	3231	7,02	3214	7,01
2001	3792	6,53	3171	6,87	3167	6,91
2002	3827	6,59	3322	7,22	3302	7,20
2003	3993	6,88	3648	7,92	3621	7,90
2004	4893	8,43	4278	9,29	4275	9,33
2005	5296	9,13	4447	9,66	4433	9,67
Totais	58.032	100,00	46.032	100,00	45.844	100,00

A distribuição das características nos arquivos finais, por sexo, encontra-se na Tabela 4.

Tabela 4 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o sexo do animal

	PD		**PS**		**GP**	
Sexo	N	%	N	%	N	%
F	28.313	48,79	22.503	48,89	22.416	48,90
M	29.719	51,21	23.529	51,11	23.428	51,10
Totais	58.032	100,00	46.032	100,00	45.844	100,00

Os números de observações e as estimativas de médias, desvios padrão, coeficientes de variação, mínimo e máximo para as características dentro de cada rebanho, após as análises críticas e de consistência, encontram-se na Tabela 5.

Tabela 5 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP),coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), segundo o rebanho de mensuração

Característica	N	MED	DP	CV(%)	MIN	MAX
			Rebanho R1			
PD (kg)	14.570	195,07	25,48	13,06	107,00	269,00
PS (kg)	11.508	310,43	39,61	12,76	194,00	436,00
GP (kg)	11.461	118,57	32,57	27,47	37,26	212,17
			Rebanho R2			
PD (kg)	11.176	169,93	24,91	14,66	107,00	263,00
PS (kg)	6.151	280,26	34,24	12,22	173,00	402,00
GP (kg)	6.054	101,46	30,15	29,71	37,35	210,29
			Rebanho R3			
PD (kg)	32.286	191,06	25,66	13,43	107,00	269,00
PS (kg)	28.373	305,84	46,24	15,12	172,00	436,00
GP (kg)	28.329	114,22	31,70	27,76	37,24	212,54

Os totais de registros para cada característica, bem como médias, desvios padrão, coeficientes de variação, mínimo e máximo, podem ser observados na Tabela 6.

Tabela 6 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP)

Característica	N	MED	DP	CV(%)	MIN	MAX
PD (kg)	58.032	188,00	27,01	14,37	107,00	269,00
PS (kg)	46.032	303,57	44,21	14,56	172,00	436,00
GP (kg)	45.844	113,63	32,13	28,28	37,24	212,54

Tanto nos três rebanhos juntos quanto dentro de cada um deles, o peso à desmama e o peso ao sobreano apresentaram, de acordo com Pimentel Gomes (1990), variabilidade média (com coeficientes de variação de 14,37% e 14,56%, respectivamente), enquanto a característica ganho de peso da desmama ao sobreano apresentou alta variabilidade (coeficiente de variação igual a 28,28%).

Considerando-se as análises dentro de cada rebanho, o peso à desmama apresentou maior variabilidade no rebanho R2, com coeficiente de variação no valor de 14,66%, seguida pelos rebanhos R3 e R1, com valores de 13,43% e 13,06%, respectivamente. Esta ordem se alterou para a característica peso ao sobreano, em que o rebanho R3 apresentou maior coeficiente de variação (igual a 15,12%) em oposição a R2, com menor coeficiente de variação (no valor de 12,22%). A ordem das variabilidades para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano foi a mesma observada para o peso

à desmama, ou seja, do maior para o menor, R2, R3 e R1, com coeficientes de variação nos valores 29,71%, 27,76% e 27,47%, respectivamente.

A alta variabilidade apresentada pela característica ganho de peso da desmama ao sobreano traduz a grande variação não controlada que atua sobre a característica, o que pode distorcer a predição dos parâmetros genéticos e reduzir a confiabilidade da mesma. Esta constatação já era esperada no caso do ganho de peso, visto que este tipo de variável está mais sujeito a mudanças por ocasião das condições ambientais. Em estudos com ganho de peso pós-desmama em cruzamentos Nelore-Angus, Balbé et al. (2007) observaram coeficiente de variação ainda maior ao verificado neste estudo, ou seja, igual a 31,67%. Já Marcondes et al. (2000) constataram coeficiente de variação igual a 26,9% para o ganho de peso da desmama ao sobreano em animais Nelore.

Para a característica peso à desmama, as variabilidades observadas estão próximas das verificadas por Holanda et al. (2004), os quais constataram coeficiente de variação de 14,47% na raça Charolês. Toral et al. (2007), no entanto, observaram coeficiente de variação maior, com valor de 19,19%. No caso do peso ao sobreano, as variabilidades estão próximas às detectadas por Marcondes et al. (2000), mas inferiores às observadas por Toral et al.(2007), ambos em animais Nelore.

No que se refere às médias dos dados, o rebanho R1 apresentou as maiores médias para o peso à desmama (195,07 kg), peso ao sobreano (310,43 kg) e ganho de peso da desmama ao sobreano (118,57 kg). As menores médias para as mesmas características foram associadas ao ambiente R2, com valores de 169,93 kg, 280,26 kg e 101,46 kg, respectivamente. No rebanho R3, as médias foram de 191,06 kg, 305,84 kg e 114,22 kg, respectivamente. As médias para peso à desmama estão de acordo com as verificadas por Toral et al. (2007), porém são superiores às informações obtidas por Holanda et al. (2004). Para a característica peso ao sobreano, Marcondes et al. (2000) e Toral et al. (2007) verificaram médias próximas às observadas para os rebanhos neste estudo. O ganho de peso da desmama ao sobreano apresentou médias semelhantes à obtida por Marcondes et al. (2000), porém inferior ao que foi verificado por Balbé et al. (2007).

3.3 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em rebanhos diferentes

Foram realizadas análises que consideram a interação genótipo x ambiente e análises que a desconsideram. Nas análises que desconsideram a interação genótipo x ambiente, os rebanhos foram avaliados por meio de análises de características únicas. Este tipo de análise foi feito para os rebanhos individualmente (R1, R2 e R3) e também para o conjunto formado pelos três rebanhos juntos (R1+R2+R3), como se fosse apenas um

rebanho (rebanho completo). No caso das avaliações que consideram a interação genótipo x ambiente, processaram-se análises do tipo tri-característica, considerando-se a mesma característica em cada rebanho como características distintas. Assim, o modelo utilizado pelas análises conjuntas da característica nos três rebanhos foi o mesmo utilizado nas análises de característica única, mas considerando a distribuição multivariada e a diversidade entre os três rebanhos no que se refere às variâncias residuais e genéticas.

A conectividade entre os rebanhos foi definida por "touros de conexão", mantendo-se apenas aqueles cujas progênies estavam presentes simultaneamente em pelo menos dois dos três rebanhos.

3.3.1 Modelos

O modelo de análise adotado para características únicas, desconsiderando os ambientes, para peso a desmama, está descrito no Modelo 1, e para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, encontra-se descrito no Modelo 2, a saber:

Modelo 1: $$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Spe} + \mathbf{e}$$

Modelo 2: $$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$

em que:

y é vetor de observações da característica;

β é o vetor de efeitos fixos de grupo contemporâneo e classe de idade da mãe ao parto;

a é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

m é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

pe é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente das mães;

e é o vetor de erros aleatórios associados às observações;

X, ***Z***, ***W*** e ***S*** são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, efeitos genéticos aditivos diretos, efeitos genéticos aditivos maternos e dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da mãe, respectivamente;

A idade da vaca ao parto foi distribuída em oito classes (CIMP), sendo: CIMP 1 = idade entre 21 e 28 meses; CIMP 2 = idade entre 29 e 37 meses; CIMP 3 = idade entre 38 e 49 meses; CIMP 4 = idade entre 50 e 73 meses; CIMP 5 = idade entre 74 e 121 meses; CIMP 6 = idade entre 122 e 145 meses; CIMP 7 = idade entre 146 e 181 meses; CIMP 8 = idade maior que 182 meses.

Nas análises de características múltiplas para a característica peso a desmama, o modelo linear em notação matricial para obtenção do *BLUE* e do *BLUP* considerando os diferentes rebanhos como características distintas foi dado pelo seguinte modelo:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{y}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{X}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \\ \boldsymbol{\beta}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{Z}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{a}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{W}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{W}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{W}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{m}_1 \\ \mathbf{m}_2 \\ \mathbf{m}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{S}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{S}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{S}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{pe}_1 \\ \mathbf{pe}_2 \\ \mathbf{pe}_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}_3 \end{bmatrix}$$

em que

$\boldsymbol{y_i}$ é o vetor de observações para o rebanho i;

$\boldsymbol{\beta}_i$ é o vetor de efeitos fixos para o rebanho i;

$\boldsymbol{a_i}$ é o vetor de efeito aleatório genético aditivo direto para o rebanho i;

$\boldsymbol{m_i}$ é o vetor de efeito aleatório genético aditivo materno para o rebanho i;

$\boldsymbol{pe_i}$ é o vetor de efeito aleatório de ambiente permanente da mãe para o rebanho i;

$\boldsymbol{e_i}$ é o vetor de erros aleatórios associados às observações do rebanho i;

$\boldsymbol{X_i}$, $\boldsymbol{Z_i}$, $\boldsymbol{W_i}$ e $\boldsymbol{S_i}$ = matrizes de incidência relativas às observações do rebanho i, respectivamente para os efeitos fixos, de animal, materno e de ambiente permanente.

No modelo em questão foi assumido que:

$$E\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{y}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{X}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \\ \boldsymbol{\beta}_3 \end{bmatrix} \text{ e}$$

$$\mathrm{Var}\begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{a}_3 \\ \mathbf{m}_1 \\ \mathbf{m}_2 \\ \mathbf{m}_3 \\ \mathbf{pe}_1 \\ \mathbf{pe}_2 \\ \mathbf{pe}_3 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}\mathbf{A} & g_{12}\mathbf{A} & g_{13}\mathbf{A} & g_{14}\mathbf{A} & g_{15}\mathbf{A} & g_{16}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{21}\mathbf{A} & g_{22}\mathbf{A} & g_{23}\mathbf{A} & g_{24}\mathbf{A} & g_{25}\mathbf{A} & g_{26}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{31}\mathbf{A} & g_{32}\mathbf{A} & g_{33}\mathbf{A} & g_{34}\mathbf{A} & g_{35}\mathbf{A} & g_{36}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{41}\mathbf{A} & g_{42}\mathbf{A} & g_{43}\mathbf{A} & g_{44}\mathbf{A} & g_{45}\mathbf{A} & g_{46}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{51}\mathbf{A} & g_{52}\mathbf{A} & g_{53}\mathbf{A} & g_{54}\mathbf{A} & g_{55}\mathbf{A} & g_{56}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{61}\mathbf{A} & g_{62}\mathbf{A} & g_{63}\mathbf{A} & g_{64}\mathbf{A} & g_{65}\mathbf{A} & g_{66}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & q_{11} & q_{12} & q_{13} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & q_{21} & q_{22} & q_{23} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & q_{31} & q_{32} & q_{33} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{11} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{22} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{33} \end{bmatrix},$$

em que:

g_{ij} são elementos de $\boldsymbol{G}$, sendo g_{ij} as covariâncias genéticas aditivas (i = 1, 2, 3) e maternas (j = 4, 5, 6);

q_{ij} são os elementos de $\boldsymbol{Q}$, matriz de covariâncias para os efeitos de ambiente permanente da mãe;

r_{ij} são os elementos de ***R***, matriz identidade de variâncias para os efeitos residuais.

Para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano foi utilizado os mesmo modelo, apenas com adaptações particulares a cada característica na modelagem dos efeitos fixos, aleatórios e covariáveis.

3.3.2 Estimação dos componentes de (co)variância

Assumindo que o vetor de erros aleatórios (no Modelo 1) tem distribuição normal, tem-se que a seguinte distribuição condicional de **y**:

$$\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{m}, \mathbf{pe}, \mathbf{R} \sim \mathrm{N}(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Spe}, \mathbf{R}),$$

em que ***R*** é a matriz (de ordem n) de covariâncias residuais, tal que $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$, em que $\mathbf{I}$ é a matriz identidade e σ_e^2 é a variância residual.

Foram assumidas, respectivamente, as seguintes distribuições a priori hierárquicas para os vetores aleatórios $(\mathbf{a}'\,\mathbf{m}')'$ e $\mathbf{pe}$:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a}_i \\ \mathbf{m}_i \end{pmatrix} \Bigg| \sigma_{a_i}^2, \sigma_{mi}^2, \sigma_{a_i,mi} \sim \mathrm{N}\left(\mathbf{0}, \begin{bmatrix} \sigma_{a_i}^2 & \sigma_{a_i,mi} \\ \sigma_{a_i,mi} & \sigma_{mi}^2 \end{bmatrix} \otimes \mathbf{A}\right), \ \mathbf{pe}_i \mid \sigma_{pei}^2 \sim \mathrm{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_{pei}^2),$$

em que:

$\sigma_{a_i}^2$ é a variância genética aditiva direta da característica no rebanho i;

$\sigma_{m_i}^2$ é a variância genética aditiva materna da característica no rebanho i;

σ_{a_i,m_i} é a covariância entre efeitos genéticos direto e materno da característica no rebanho i;

$\sigma_{pe_i}^2$ é a variância de efeito permanente da mãe da característica no rebanho i;

$\sigma_{e_i}^2$ é a variância do efeito residual da característica no rebanho i.

$\mathbf{A}$ é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos para a característica i.

As distribuições *a priori* para os componentes de variância de ambiente permanente da mãe (σ_{pe}^2) e residual (σ_e^2) foram assumidas como sendo *Gama* invertidas:

$$\sigma_{pe}^2 \sim \Gamma\Pi(pe_o, \nu_{pe}), \ \ \sigma_e^2 \sim \Pi(s_o, \nu_r)$$

em que ν_{pe} e ν_r são os números de graus de liberdade das respectivas distribuições; pe_o e s_o são os parâmetros escala das distribuições em questão.

Nas análises de características múltiplas, para os efeitos fixos ($\boldsymbol{\beta}$), assumiu-se distribuição *a priori* uniforme, enquanto que para os componentes de (co)variância genética (**G**) assumiu-se uma distribução de *Wishart* invertida:

$$p(\boldsymbol{\beta}) \propto \text{cte}, \quad \mathbf{G} \sim \text{IW}(\mathbf{G_0}, \nu_g)$$

em que ν_g é número de graus de liberdade da distribuição e $\mathbf{G_0}$ é a matriz que caracteriza o parâmetro escala da distribuição de $\mathbf{G}$.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos dos modelos descritos acima foram estimados por inferência bayesiana usando métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (SORENSEN e GIANOLA, 2002). A implementação dos princípios bayesianos na estimação dos componentes de (co)variâncias para as características foi realizada por meio do programa GIBBS2F90, desenvolvido por Misztal et al. (2002).

Para as análises de peso à desmama foram geradas, para cada parâmetro, cadeias de Gibbs de 440.000 iterações, com um descarte inicial de 88.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 10 iterações. Nas demais características, foram geradas cadeias de 220.000 iterações, descarte inicial de 44.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 10 iterações. A convergência das cadeias para distribuições estacionárias dos componentes de (co)variância foi diagnosticada usando o critério de Raftery & Lewis (1992), utilizando o pacote Bayesian Output Analysis - BOA (SMITH, 2007), disponível no *software* R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008). As médias, medianas, desvios-padrão e intervalos de credibilidade das estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos amostrados foram calculados por meio do mesmo pacote descrito acima, enquanto as modas foram obtidas utilizando-se o procedimento KDE (*Kernel Density Estimator*) (SAS, 2002).

3.3.3 Correlações de Pearson entre as diferenças esperadas nas progênies (DEPs) dos touros

A partir dos resultados obtidos nas análises anteriores, foram calculadas as DEPs dos touros no intuito de verificar os impactos da interação genótipo x ambiente na avaliação genética e na classificação dos mesmos. Consideraram-se como reprodutores os animais machos que apresentaram pelo menos 20 progênies distribuídas em pelo menos dois rebanhos diferentes.

Para as análises de características únicas, foram preparados arquivos contendo as DEPs dos touros avaliados no rebanho completo (R1+R2+R3). Estes dados foram correlacionados com as suas respectivas DEPs representadas em cada rebanho

individualmente, obtidas por meio das análises tri-características. As DEPs dos reprodutores foram avaliadas por meio da correlação momento-produto de Pearson, utilizando o procedimento PROC CORR do programa *Statistical Analysis System*, versão 9.0 (SAS, 2002).

Com base nas DEPs para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidas por meio das análises de características únicas e múltiplas, foram selecionados e classificados os 25 touros primeiros colocados no *ranking* para as características, dentro de cada tipo de análise. Dentro desta seleção, foram calculados os índices de discordância entre as classificações.

3.4 Interação genótipo x ambiente via normas de reação

Para a análise de interação genótipo x ambiente via normas de reação foram usados os mesmos arquivos de dados da metodologia anterior.

Foi utilizado o programa INTERGEN (CARDOSO, 2007). Este programa usa um modelo hierárquico de normas de reação em que os parâmetros são estimados por meio de métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (SORENSEN e GIANOLA, 2002). Através de um modelo de regressão aleatória, os valores genéticos dos animais foram estimados como uma função linear contínua dos valores dos ambientes, no caso os grupos contemporâneos. O programa implementou a metodologia proposta por Su et al. (2006), na qual os valores dos grupos contemporâneos são estimados simultaneamente com os outros parâmetros do modelo, para então serem usadas como covariáveis para obtenção das normas de reação.

3.4.1 Modelos

O modelo para peso à desmama (Modelo 3) incluiu os efeitos aleatórios de grupos de contemporâneos, efeitos genéticos aditivos diretos (interceptos das normas de reação), efeitos genéticos maternos (para peso à desmama) e efeitos genéticos das inclinações das normas de reação, que são dadas pelos coeficientes de regressão linear das mesmas. Para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano (Modelo 4), eliminaram-se os efeitos relacionados à mãe do animal, ou seja, efeito materno e de ambiente permanente da mãe.

Modelo 3: $$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{Eh} + \mathbf{Za} + \mathbf{Hb} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Spe} + \mathbf{e}$$

Modelo 4: $$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{Eh} + \mathbf{Za} + \mathbf{Hb} + \mathbf{e}$$

em que:

y é o vetor de observações da característica;

μ é o vetor de médias gerais da característica;

h é o vetor de efeitos aleatórios dos grupos contemporâneos;

a é o vetor dos interceptos aleatórios das normas de reação (efeito genético aditivo direto) dos animais;

b é o vetor dos coeficientes de regressão linear aleatórios referentes às inclinações das normas de reação dos animais;

m é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

pe é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente das mães;

e é o vetor de erros aleatórios associados às observações;

E, Z, H, W e ***S*** são matrizes de incidência dos efeitos dos grupos contemporâneos, interceptos, inclinações, efeitos maternos e de ambiente permanente das mães.

3.4.2 Estimação dos componentes de (co)variância

Assumindo que o vetor de erros aleatórios do Modelo 3 tem distribuição normal, tem-se que a distribuição condicional de **y** foi assumida como sendo normal multivariada, na forma:

$$\mathbf{y} \mid \mathbf{h}, \mathbf{a}, \mathbf{m}, \mathbf{b}, \mathbf{pe}, \mathbf{R} \sim \mathrm{N}(\mathbf{Eh} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Hb} + \mathbf{Spe}, \mathbf{R}),$$

em que ***R*** é a matriz (de ordem n) das covariâncias residuais. No modelo hierárquico utilizado assumiu-se a pressuposição de variâncias residuais homoscedásticas e independentes umas das outras, tal que $\mathbf{R} = \mathbf{I}\sigma_e^2$, em que $\mathbf{I}$ é a matriz identidade e σ_e^2 é a variância residual.

Foram assumidas as seguintes distribuições a priori hierárquicas para os vetores aleatórios $\mathbf{h}$, $(\mathbf{a}' \ \mathbf{m}' \ \mathbf{b}')'$ e $\mathbf{pe}$:

$$\mathbf{h} \mid \sigma_h^2 \sim \mathrm{N}(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_h^2), \quad \left(\begin{matrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{b} \end{matrix} \middle| \sigma_a^2, \sigma_m^2, \sigma_b^2, \sigma_{a,m}, \sigma_{a,b}, \sigma_{m,b} \right) \sim \mathrm{N}\left(\mathbf{0}, \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{a,m} & \sigma_{a,b} \\ \sigma_{a,m} & \sigma_m^2 & \sigma_{m,b} \\ \sigma_{a,b} & \sigma_{m,b} & \sigma_b^2 \end{bmatrix} \otimes \mathbf{A} \right),$$

$$\mathbf{pe} \mid \sigma_{pe}^2 \sim \mathrm{N}(0, \mathrm{I}\sigma_{pe}^2),$$

em que:

σ_a^2 é a variância genética aditiva direta (intercepto) da norma de reação;

σ_m^2 é a variância genética aditiva materna;

σ_b^2 é a variância genética da inclinação da norma de reação;

$\sigma_{a,m}$ é a covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e materno;

$\sigma_{a,b}$ é a covariância entre efeitos de intercepto e de inclinação;

$\sigma_{m,b}$ é a covariância entre efeitos materno e de inclinação;

σ^2_{pe} é a variância de efeito permanente da mãe

$\mathbf{A}$ é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos.

As distribuições *a priori* para os componentes de variância dos valores ambientais (σ^2_h), da variância de ambiente permanente da mãe (σ^2_{pe}) e da variância residual (σ^2_e) foram assumidas como sendo *Gama* invertidas. Já para a matriz de (co)variâncias de $\mathbf{a}_i$ (σ^2_a), $\mathbf{m}_i$ (σ^2_m) *e* $\mathbf{b}_i$ (σ^2_b) foi considerada como distribuição de *Wishart* invertida.

As distribuições descritas acima também são válidas para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, eliminando-se os efeitos relacionados à mãe do animal.

Os valores dos níveis do gradiente ambiental (x) foram definidos com base nos desvios das soluções dos grupos contemporâneos em relação à média geral ($x = h - \mu$) para a característica nestes ambientes. Assim, os grupos contemporâneos foram agrupados em intervalos regulares de 10 em 10 kg, de acordo com suas respectivas soluções.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, bem como dos coeficientes de herdabilidade direta para peso à desmama dentro dos níveis ambientais formados pelos grupos contemporâneos foram calculados a partir das amostras das distribuições *a posteriori* dos dados, da seguinte forma:

$$\sigma^2_a \mid x = \sigma^2_a + \sigma^2_b x^2 + 2\sigma_{a,b} x$$

e

$$h^2_a \mid x = \frac{\sigma^2_a \mid x}{\sigma^2_a \mid x + \sigma^2_m + \sigma_{a,m} + \sigma^2_{pe} + \sigma^2_e};$$

No ambiente médio ($x = 0$): $h^2_a \mid x = \dfrac{\sigma^2_a}{\sigma^2_a + \sigma^2_m + \sigma_{a,m} + \sigma^2_{pe} + \sigma^2_e}$,

em que:

h^2_a = estimativa do coeficiente de herdabilidade direta; σ^2_a = estimativa do componente de variância genética do intercepto; σ^2_m = estimativa do componente de variância genética

aditiva materna; σ_b^2 = estimativa do componente de variância da inclinação da norma de reação; $\sigma_{a,m}$ = estimativa da covariância entre efeitos genéticos de intercepto e materno; $\sigma_{a,b}$ = estimativa da covariância entre efeitos genéticos de intercepto e de inclinação; σ_{pe}^2 = estimativa da variância do efeito de ambiente permanente; σ_e^2 = estimativa da variância residual.

No caso do componente de variância genética aditiva materna, esta foi considerada como sendo a mesma em todos os níveis do gradiente ambiental, pois neste modelo somente o efeito genético direto possui norma de reação:

$$\sigma_m^2 \mid x = \sigma_m^2$$

Já o coeficiente de herdabilidade materna foi diferente entre os níveis do gradiente ambiental, dado que o cálculo deste parâmetro contempla o componente $\sigma_a^2 \mid x$ em seu denominador. Assim:

$$h_m^2 \mid x = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_a^2 \mid x + \sigma_m^2 + \sigma_{a,m} + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2},$$

em que h_m^2 = estimativa do coeficiente de herdabilidade materna.

Para a característica peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, os componentes de variância genética aditiva direta e os coeficientes de herdabilidade direta foram calculados da seguinte maneira:

$$\sigma_a^2 \mid x = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b} x$$

e

$$h_a^2 \mid x = \frac{\sigma_a^2 \mid x}{\sigma_a^2 \mid x + \sigma_e^2};$$

No ambiente médio ($x = 0$): $h_a^2 \mid x = \dfrac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$

As correlações entre intercepto e efeito genético aditivo materno, intercepto e inclinação e efeito genético aditivo materno e inclinação das normas de reação foram dadas por:

$$r_{a,m} = \frac{\sigma_{a,m}}{\sqrt{\sigma_a^2 \sigma_m^2}}, \quad r_{a,b} = \frac{\sigma_{a,b}}{\sqrt{\sigma_a^2 \sigma_b^2}}, \quad r_{m,b} = \frac{\sigma_{m,b}}{\sqrt{\sigma_m^2 \sigma_b^2}},$$

em que:

$r_{a,m}$ = correlação entre intercepto e efeito genético aditivo materno;

$r_{a,b}$ = correlação entre intercepto e inclinação;

$r_{m,b}$ = correlação entre efeito genético aditivo materno e inclinação.

O valor genético dos animais foi calculado somando-se o intercepto a com o produto do coeficiente de inclinação b pelo valor do nível ambiental x, da seguinte maneira:

$$VG \mid x = a_i + b_i x$$

As estimativas dos parâmetros foram obtidas utilizando-se abordagem bayesiana por meio de métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (SORENSEN e GIANOLA, 2002) Para as análises de peso à desmama foram geradas cadeias de 200.000 iterações, com um descarte inicial de 40.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 50 iterações. Para peso ao sobreano e ganho de peso, foram geradas cadeias de 100.000 iterações, descarte inicial de 20.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 10 iterações. A convergência das cadeias foi monitorada por meio de análise gráfica e através do teste de diagnóstico de Raftery & Lewis (1992), utilizando o pacote Bayesian Output Analysis - BOA (SMITH, 2007), disponível no *software* R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008).

Utilizou-se o procedimento KDE (*Kernel Density Estimator*) (SAS, 2002) para obtenção das médias, modas, medianas, desvios-padrão e intervalos de credibilidade das estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos amostrados.

3.4.3 Correlações de Pearson entre os valores genéticos dos touros

Com base nas soluções para valores genéticos dos animais obtidas nas análises, procedeu-se à identificação de touros, ou seja, animais machos que apresentaram pelo menos 20 progênies distribuídas em pelo menos três grupos contemporâneos distintos. Os valores genéticos dos mesmos foram correlacionados entre os níveis ambientais por meio da correlação momento-produto de Pearson, utilizando o procedimento PROC CORR do programa *Statistical Analysis System*, versão 9.0 (SAS, 2002).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Interação genótipo x ambiente via correlações genéticas da mesma característica em rebanhos diferentes

4.1.1 Análises individuais para cada rebanho e para o rebanho completo, desconsiderando a interação genótipo x ambiente

A. PESO À DESMAMA

Nas Tabelas 7, 8, 9 e 10 estão apresentadas as médias das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância obtidas nas análises de características únicas, para os rebanhos individuais R1, R2 e R3 e para o rebanho completo (R1+R2+R3), respectivamente. As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice A (as simbologias utilizadas neste e demais apêndices são as mesmas que aquelas descritas nas tabelas).

Tabela 7 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	91,64	89,7	86,45	17,30	45,31	160,40	61,68 a 129,50
$\hat{\sigma}_m^2$	24,35	23,87	20,91	8,93	3,07	53,32	4,06 a 40,12
$\hat{\sigma}_{a,m}$	-10,71	-10,79	-12,92	8,87	-42,77	10,77	-29,35 a 5,25
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	59,45	59,69	60,46	7,15	37,31	82,93	45,00 a 73,03
$\hat{\sigma}_e^2$	227,76	228,6	229,87	9,78	186,80	259,50	206,80 a 245,40
$\hat{\sigma}_p^2$	392,50	392,25	392,09	6,53	366,41	423,16	380,80 a 245,40
$\hat{h}_a^2$	0,23	0,23	0,22	0,04	0,12	0,40	0,16 a 0,32
$\hat{h}_m^2$	0,06	0,06	0,05	0,02	0,007	0,13	0,01 a 0,10
$\hat{r}_{a,m}$	-0,20	-0,23	-0,31	0,17	-0,64	0,36	-0,50 a 0,16

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 8 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	32,28	30,97	28,70	9,73	10,30	71,64	16,42 a 54,29
$\hat{\sigma}_m^2$	25,39	25,54	25,55	8,65	7,27	56,68	10,20 a 41,41
$\hat{\sigma}_{a,m}$	11,06	11,56	16,42	7,28	-14,43	30,45	-4,27 a 23,27
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	32,59	32,02	30,51	7,70	13,80	61,54	18,29 a 47,85
$\hat{\sigma}_e^2$	238,38	238,70	239,15	7,69	205,20	270,50	223,30 a 254,00
$\hat{\sigma}_p^2$	339,70	339,61	339,56	5,23	319,46	363,16	329,48 a 350,05
$\hat{h}_a^2$	0,09	0,09	0,09	0,03	0,03	0,21	0,05 a 0,16
$\hat{h}_m^2$	0,07	0,07	0,07	0,02	0,02	0,17	0,03 a 0,12
$\hat{r}_{a,m}$	0,44	0,44	0,31	0,30	-0,40	0,96	-0,07 a 0,95

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 9 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	76,04	75,25	75,70	10,20	48,05	121,30	58,13 a 99,07
$\hat{\sigma}_m^2$	15,11	14,49	11,41	4,38	5,70	35,33	7,41 a 23,57
$\hat{\sigma}_{a,m}$	8,88	9,47	10,14	4,96	-18,12	21,27	-1,16 a 17,72
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	57,11	57,02	56,80	3,80	44,20	72,20	49,95 a 64,77
$\hat{\sigma}_e^2$	219,07	219,40	219,52	5,83	194,10	239,30	207, 30 a 230,20
$\hat{\sigma}_p^2$	376,20	376,10	375,69	4,20	357,74	393,63	368,11 a 384,59
$\hat{h}_a^2$	0,20	0,20	0,20	0,03	0,13	0,31	0,16 a 0,26
$\hat{h}_m^2$	0,04	0,04	0,30	0,01	0,01	0,09	0,02 a 0,06
$\hat{r}_{a,m}$	0,29	0,29	0,31	0,17	-0,32	0,73	-0,03 a 0,63

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 10 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	77,76	77,17	75,35	9,03	50,64	114,00	61,13 a 96,25
$\hat{\sigma}_m^2$	15,32	15,14	14,96	3,14	7,98	27,35	9,56 a 21,63
$\hat{\sigma}_{a,m}$	5,69	5,94	6,24	3,57	-8,66	16,17	-1,23 a 12,28
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	54,20	54,21	54,37	3,17	42,60	65,79	48,08 a 60,48
$\hat{\sigma}_e^2$	222,48	222,70	223,58	5,01	201,80	238,10	212,70 a 232,10
$\hat{\sigma}_p^2$	375,45	375,3	375,12	3,35	363,25	388,375	368,89 a 381,97
$\hat{h}_a^2$	0,21	0,21	0,20	0,02	0,14	0,29	0,17 a 0,25
$\hat{h}_m^2$	0,04	0,04	0,04	0,01	0,02	0,07	0,03 a 0,06
$\hat{r}_{a,m}$	0,17	0,18	0,18	011	-0,20	0,53	-0,04 a 0,39

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Quando uma distribuição *a posteriori* apresenta valores de médias, medianas e modas próximos entre si, significa que esta distribuição se assemelha a uma curva normal. Nestas análises, isto foi constatado principalmente para os componentes de variância não genéticos, ou seja, de ambiente permanente e residual. Por considerar os efeitos anteriores em seu cálculo, o componente de variância fenotípico também apresentou esta tendência. Em análises por amostragens de gibbs via Cadeias de Markov, a cadeia se move mais lentamente em busca de uma distribuição de equilíbrio para os componentes genéticos, visto que estas informações são amostradas a partir de apenas uma informação de peso do animal. Ainda que tenham atingido a distribuição de equilíbrio, estes componentes – e suas respectivas funções como covariâncias, coeficientes de herdabilidade e correlações – nem sempre apresentam distribuições simétricas, o que explica a assimetria nos gráficos de algumas funções densidade de probabilidade no Apêndice A.

A análise individual dos rebanhos apontou R1 como o rebanho de maior estimativa de coeficiente de herdabilidade. Já o rebanho R2 apresentou a menor estimativa para este parâmetro dentre os três rebanhos, com valor de 0,09, considerado baixo para o peso à desmama em comparação aos valores constatados na revisão de De Lira et al. (2008) sobre parâmetros genéticos de características produtivas em raças zebuínas. No entanto, o

rebanho R2 foi o que demonstrou maior correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e materno.

A estimativa de herdabilidade direta obtida para o rebanho R2 foi próxima à observada por Fridrich et al. (2005) em uma das regiões avaliadas em estudos de interação genótipo x ambiente na raça Tabapuã. Os resultados para este parâmetro nos outros rebanhos mostraram-se superiores aos constatados por Silveira et al. (2004) e inferiores aos de Toral et al. (2007) e Mascioli et al. (2006), mas próximos do que foi detectado por Boligon et al. (2008). Com relação aos coeficientes de herdabilidade materna, as estimativas encontradas neste trabalho apresentaram-se próximas daquelas observadas por Silveira et al. (2004) na raça Nelore e por Carabaño et al. (2004) na raça Avileña Negra Ibérica.

Dentre os três rebanhos, apenas os rebanho R1 apresentou correlação negativa entre efeitos genético direto e materno, os quais foram de -0,21 em R1, 0,44 em R2 e 0,04 em R3.

Verificou-se que os resultados da análise uni-característica para o rebanho completo (em que R1+R2+R3 foram considerados com um rebanho apenas) foram mais próximos dos resultados apresentados pelo rebanho R3 em comparação aos demais rebanhos. Este acontecimento é resultado do grande número de registros para peso à desmama de R3, o qual chega a ser superior à soma dos registros de R1 e R2. Ou seja, o grande número de informações do rebanho R3 exerceu influência sobre a avaliação genética do conjunto, uma vez que o rebanho R3 representa 55,63% do total de dados para peso à desmama.

B. PESO AO SOBREANO

Nas Tabelas 11, 12, 13 e 14 estão apresentadas, respectivamente, as médias das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância obtidas nas análises de características únicas para os rebanhos individuais R1, R2 e R3 e para o rebanho completo (R1+R2+R3). As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice B.

Tabela 11 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	210,50	210,30	210,56	21,34	142,30	284,50	169,60 a 335,50
$\hat{\sigma}_e^2$	364,64	364,60	366,75	15,52	312,60	312,60	335,50 a 396,20
$\hat{\sigma}_p^2$	575,14	575,00	575,50	10,13	538,50	610,70	555,70 a 595,30
$\hat{h}_a^2$	0,37	0,37	0,37	0,03	0,25	0,47	0,30 a 0,43

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 12 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	145,12	144,60	150,58	32,12	73,49	249,70	5,84 a 205,00
$\hat{\sigma}_e^2$	457,25	457,40	450,72	26,00	358,70	536,10	407,10 a 506,00
$\hat{\sigma}_p^2$	602,37	602,00	599,71	13,26	557,50	655,10	577,21 a 628,80
$\hat{h}_a^2$	0,24	0,24	0,25	0,05	0,13	0,40	0,14 a 0,33

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 13 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	260,46	260,30	259,56	14,37	208,70	312,50	232,80 a 288,20
$\hat{\sigma}_e^2$	357,78	357,80	358,05	9,63	322,80	395,10	338,6000 a 375,90
$\hat{\sigma}_p^2$	618,24	618,20	617,85	7,32	591,40	646,50	603,20 a 631,90
$\hat{h}_a^2$	0,42	0,42	0,42	0,0	0,35	0,49	0,38 a 0,48

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 14 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	258,36	258,40	257,83	11,56	215,40	305,20	324,80 a 280,40
$\hat{\sigma}_e^2$	356,24	356,20	357,60	7,81	325,90	384,60	341,40 a 372,00
$\hat{\sigma}_p^2$	614,60	614,60	614,98	5,75	589,60	638,40	603,20 a 625,80 a
$\hat{h}_a^2$	0,42	0,42	0,42	0,01	0,36	0,48	0,39 a 0,45

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Os resultados das estimativas dos coeficientes de herdabilidade para o rebanho completo (R1+R2+R3) e para o rebanho individual R3 foram iguais, no valor de 0,42. Em seguida ficou o rebanho R1, com estimativa de 0,37 para herdabilidade. O rebanho R2 apresentou, novamente, estimativa de coeficiente de herdabilidade menor do que as estimativas obtidas nas outras análises, aproximando-se do que foi verificado por Marcondes et al. (2000). Com exceção de R2, os valores das estimativas dos coeficientes de herdabilidade observados para o peso ao sobreano estiveram próximas daquelas verificadas Toral et al. (2007) na raça Canchim, mas inferiores aos valores detectados por Yokoo et al. (2007) em animais Nelore.

A semelhança das estimativas dos componentes de (co)variância entre a análise uni-característica para rebanho completo (R1+R2+R3) e a análise uni-característica para o rebanho R3 reafirma o que foi declarado para a característica peso à desmama. Ou seja, o alto número de informações de R3 influenciou os resultados da análise.

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO

As médias das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância obtidas nas análises de características únicas para os rebanhos individuais R1, R2 e R3 e para o rebanho completo (R1+R2+R3) estão apresentadas nas Tabelas 15, 16, 17 e 18, respectivamente. As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice C.

Tabela 15 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R1, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	87,56	86,90	87,50	11,74	55,38	131,40	65,12 a 112,50
$\hat{\sigma}_e^2$	283,20	283,40	284,41	9,20	245,10	315,30	265,10 a 301,20
$\hat{\sigma}_p^2$	370,76	370,62	370,01	5,99	350,36	396,60	358,84 a 382,40
$\hat{h}_a^2$	0,24	0,23	0,24	0,03	0,15	0,34	0,18 a 0,30

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 16 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R2, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	28,8	27,28	19,65	10,01	11,78	72,30	14,92 a 50,04
$\hat{\sigma}_e^2$	304,2	305,10	306,81	9,93	263,30	338,00	284,30 a 322,90
$\hat{\sigma}_p^2$	333,12	333,01	332,81	6,49	308,69	358,94	320,84 a 346,13
$\hat{h}_a^2$	0,09	0,08	0,05	0,0	0,03	0,22	0,04 a 0,15

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 17 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho individual R3, obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	105,29	105,20	105,93	6,43	80,84	128,40	92,78 a 117,80
$\hat{\sigma}_e^2$	241,33	241,30	240,59	4,73	223,20	261,20	231,80 a 250,20
$\hat{\sigma}_p^2$	346,62	346,60	345,95	3,63	333,41	361,60	339,44 a 353,70
$\hat{h}_a^2$	0,30	0,30	0,30	0,02	0,24	0,34	0,27 a 0,33

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 18 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho completo (R1+R2+R3), obtidas em análise de característica única

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	100,53	100,40	98,81	5,74	76,15	122,10	89,02 a 111,60
$\hat{\sigma}_e^2$	253,20	253,20	253,29	4,20	238,30	270,20	245,20 a 261,50
$\hat{\sigma}_p^2$	353,72	353,70	353,67	2,99	340,90	365,70	347,94 a 359,70
$\hat{h}_a^2$	0,28	0,28	0,28	0,01	0,22	0,34	0,26 a 0,31

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Notou-se que o ganho de peso da desmama ao sobreano foi o que mais apresentou participação do componente residual na estimativa da variância total. Para os três rebanhos estudados, a relação entre componente residual e fenotípico foi superior a 0,70, com o rebanho R2 chegando a alcançar a relação de 0,91. Esta redução da participação do efeito genético direto na expressão da característica proporcionou estimativa de coeficiente de herdabilidade de 0,09 no rebanho R2. Este valor está próximo do que foi constatado por Holanda et al. (2004), que verificaram estimativa de coeficiente de herdabilidade igual a 0,06 em um rebanho Nelore. O rebanho R1 apresentou estimativa de coeficiente de herdabilidade em concordância com a verificada por Sarmento et al. (2003).

O rebanho R3 obteve estimativas superiores às obtidas por estes autores, aproximando-se do verificado por Balbé et al. (2007).

Assim como ocorreu para peso à desmama e peso ao sobreano, os resultados da análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3) mais uma vez sofreram influência do alto número de informações do rebanho R3.

4.1.2 Análises de características múltiplas, considerando a interação genótipo x ambiente

A. PESO À DESMAMA

As médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos para o peso à desmama nos rebanhos R1, R2 e R3 por meio da análise do tipo tri-característica encontram-se nas Tabelas 19, 20, 21 e 22.

As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice D.

Tabela 19 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	96,61	94,95	87,69	17,24	51,3	161,50	66,77 a 132,50
$\hat{\sigma}_m^2$	30,67	30,43	29,94	8,42	-47,95	7,18	15,45 a 48,25
$\hat{\sigma}_{a,m}$	-14,89	-14,00	-8,81	9,33	10,30	60,99	-32,71 a 1,83
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	57,35	57,27	57,41	6,65	35,95	85,85	43,95 a 69,91
$\hat{\sigma}_e^2$	225,04	225,70	227,46	9,71	184,80	256,50	205,50 a 243,00
$\hat{\sigma}_p^2$	394,78	394,60	394,15	6,32	369,02	424,25	382,44 a 407,07
$\hat{h}_a^2$	0,24	0,24	0,22	0,0002	0,13	0,39	0,17 a 0,33
$\hat{h}_m^2$	0,08	0,08	0,08	0,02	0,03	0,15	0,04 a 0,12
$\hat{r}_{a,m}$	-0,26	-0,27	-0,32	0,15	-0,69	0,17	-0,52 a 0,03

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 20 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	36,34	36,14	35,60	7,07	15,89	59,93	23,82 a 50,79
$\hat{\sigma}_m^2$	28,68	28,61	28,37	6,72	-5,42	23,57	13,53 a 42,22
$\hat{\sigma}_{a,m}$	9,64	9,55	9,73	3,97	8,84	52,48	2,57 a 17,55
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	31,67	31,42	30,50	7,87	10,26	58,45	17,25 a 48,12
$\hat{\sigma}_e^2$	235,58	235,60	235,76	7,21	206,20	259,70	221,30 a 249,50
$\hat{\sigma}_p^2$	341,91	341,86	341,47	5,18	320,35	364,59	331,81 a 352,14
$\hat{h}_a^2$	0,11	0,11	0,11	0,02	0,05	0,17	0,07 a 0,147
$\hat{h}_m^2$	0,08	0,08	0,08	0,02	0,03	0,15	0,04 a 0,122
$\hat{r}_{a,m}$	0,31	0,31	0,31	0,12	-0,15	0,62	0,08 a 0,547

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 21 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso à desmama no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	91,20	89,99	86,69	12,76	59,11	142,70	68,46 a117,40
$\hat{\sigma}_m^2$	19,95	19,78	18,39	4,27	-16,10	15,93	12,32 a 28,86
$\hat{\sigma}_{a,m}$	2,71	3,06	3,92	5,07	7,96	37,14	-7,70 a 12,77
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	55,88	55,83	55,58	4,04	40,22	71,88	48,10 a 63,97
$\hat{\sigma}_e^2$	211,22	211,70	212,56	6,91	182,60	233,60	197,30 a 224,10
$\hat{\sigma}_p^2$	380,96	380,81	380,44	4,62	365,76	400,49	371,92 a 390,11
$\hat{h}_a^2$	0,24	0,24	0,23	0,03	0,16	0,30	0,18 a 0,30
$\hat{h}_m^2$	0,05	0,05	0,05	0,01	0,02	0,10	0,03 a 0,075
$\hat{r}_{a,m}$	0,07	0,07	0,09	0,12	-0,30	0,45	-0,16 a 0,326

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto e materno, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta, $\hat{h}_m^2$ = coeficiente de herdabilidade materna, $\hat{r}_{a,m}$ = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

Tabela 22 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e entre efeitos genéticos maternos, correlações genéticas diretas e correlações genéticas maternas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica peso à desmama, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_{a1,a2}$	52,14	51,39	49,72	9,74	26,21	88,91	33,46 a 72,49
$\hat{\sigma}_{a1,a3}$	86,99	86,05	81,63	12,17	55,03	129,40	63,71 a 111,00
$\hat{\sigma}_{a2,a3}$	52,14	51,61	50,71	8,07	29,96	79,97	37,70 a 69,80
$\hat{\sigma}_{m1,m2}$	10,66	10,87	15,12	0,05	-8,60	33,75	0,77 a 0,95
$\hat{\sigma}_{m1,m3}$	15,90	16,11	15,39	0,03	-0,39	33,73	0,88 a 0,97
$\hat{\sigma}_{m2,m3}$	14,02	14,12	15,12	0,04	2,47	28,29	0,82 a 0,98
$\hat{r}_{a1,a2}$	0,88	0,90	0,92	6,96	0,66	0,96	-2,48 a 24,56
$\hat{r}_{a1,a3}$	0,93	0,93	0,94	5,19	0,84	0,98	4,22 a 25,28
$\hat{r}_{a2,a3}$	0,91	0,92	0,95	4,54	0,73	0,98	4,91 a 22,85
$\hat{r}_{m1,m2}$	0,35	0,38	0,38	0,21	-0,43	0,77	-0,06 a 0,696
$\hat{r}_{m1,m3}$	0,65	0,71	0,76	0,17	-0,02	0,86	0,26 a 0,867
$\hat{r}_{m2,m3}$	0,59	0,62	0,65	0,16	0,15	0,87	0,29 a 0,84

$\hat{\sigma}_{a1,a2}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R2, $\hat{\sigma}_{a1,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R3, $\hat{\sigma}_{a2,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R2 e R3, $\hat{\sigma}_{m1,m2}$ = covariância entre efeitos genéticos maternos de R1 e R2, $\hat{\sigma}_{m1,m3}$ = covariância entre efeitos genéticos maternos de R1 e R3, $\hat{\sigma}_{m2,m3}$ = covariância entre efeitos genéticos maternos de R2 e R3, $\hat{r}_{a1,a2}$ = correlação genética direta entre R1 e R2, $\hat{r}_{a1,a3}$ = correlação genética direta entre R1 e R3, $\hat{r}_{a2,a3}$ = correlação genética direta entre R2 e R3, $\hat{r}_{m1,m2}$ = correlação genética materna entre R1 e R2, $\hat{r}_{m1,m3}$ = correlação genética materna entre R1 e R3, $\hat{r}_{m2,m3}$ = correlação genética materna entre R2 e R3.

As análises tri-características possibilitaram o incremento de alguns componentes de (co)variância em detrimento da redução de outros componentes em comparação às análises de característica única. Ou seja, para os três rebanhos houve aumento das estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, materna e fenotípica enquanto as variâncias de ambiente permanente da vaca e residuais diminuíram. Consequentemente, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta e materna aumentaram. Na análise tri-característica, a estimativa do coeficiente de herdabilidade do

rebanho R1 apresentou um valor 4,35% maior do que na análise univariada. Para os rebanhos R2 e R3, estes aumentos foram de 22,22% e 20%, respectivamente.

Esta tendência já foi relatada por outros autores (TORRES et al., 2000; BALIEIRO et al., 2004). Segundo Balieiro (2001), o aumento do número de informações nas análises conjuntas utilizando as relações entre os animais nos diferentes níveis de variabilidade filtram maiores proporções de variância genética aditiva, que antes eram adicionadas ao componente residual. Ou seja, a utilização de componentes de covariância entre as variáveis possibilita a obtenção de estimativas de variância mais apuradas, “desinflando” o componente da variância residual a favor dos componentes de variância genéticos aditivos.

Os maiores valores para estimativa de coeficiente de herdabilidade direta foram obtidos por R1 e R3, as quais apresentaram estimativas de 0,24. Estes estão de acordo com os apresentados por Boligon et al. (2008) na raça Nelore, Knackfuss et al. (2006) na raça Gir, Fridrich et al. (2005) na raça Tabapuã e Pereira et al. (2001) em animais Nelore. Para o rebanho R2, o valor deste parâmetro foi de 0,11. Estas estimativas se aproximaram do que foi verificado por Holanda et al. (2004) em bovinos Nelore. No caso da herdabilidade materna, as maiores estimativas foram para R1 e R2 (ambas de 0,08), ficando R3 com a menor estimativa (0,05). Carabaño et al. (2004), Silveira et al. (2004) e Pereira et al. (2001) apontaram valores semelhantes a estes em seus estudos.

Notou-se que o rebanho R2 apresentou as menores estimativas de coeficiente de herdabilidade direta, mas esteve entre os rebanhos de maior herdabilidade materna. O efeito genético aditivo materno mede a contribuição dos genes da mãe para o desenvolvimento do indivíduo, condicionando seu ambiente durante a gestação e fase de aleitamento (Eler, 1999). Progênies criadas em ambientes menos favoráveis possivelmente fornecerão maiores espaços para a expressão do efeito materno sobre seu desenvolvimento até a idade da desmama, o que será expresso na forma de maiores estimativas de componentes de variância genética materna e herdabilidade materna (RIBEIRO et al., 2009).

As correlações entre efeitos genéticos direto e materno decresceram nos três rebanhos nas análises tri-características, mas foi negativa apenas para o rebanho R1. Resultados negativos para este tipo de correlação são comuns na literatura (ELER et al., 2000; FERRAZ FILHO et al., 2002; BOLIGON et al., 2008;). Já os rebanhos R2 e R3 não apresentaram correlação negativa em nenhuma das avaliações.

Quanto às correlações genéticas diretas entre os desempenhos nos diferentes rebanhos, estas foram de 0,88 entre os rebanhos R1 e R2, 0,93 entre R1 e R3 e de 0,91 para R2 e R3, não evidenciando sinais de interação genótipo x ambiente. Ferreira et al.

(2001) observaram correlação genética igual a 0,95 para peso aos 205 dias em duas fazendas. As correlações genéticas encontradas por Mattos et al. (2000), em animais da raça Hereford nos EUA, Uruguai e Canadá estão próximas daquelas observadas neste trabalho, variando de 0,86 a 0,90.

As correlações entre efeitos genéticos aditivos e maternos foram de 0,35 entre R1 e R2, de 0,65 entre R1 e R3 e 0,59 entre R2 e R3. Exceto para o valor entre R1 e R2, estes resultados estão próximos aos encontrados por Fridrich (2007), que detectou correlações variando de 0,60 a 0,80 em estudos de interação genótipo x ambiente na raça Nelore em diferentes regiões do Brasil. Toral et al. (2004) observaram correlações variando de 0,30 a 0,89 para peso à desmama na raça Nelore em regiões distintas do estado de Mato Grosso do Sul.

B. PESO AO SOBREANO

As médias das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano, obtidos a partir da análise tri-característica estão descritos nas Tabelas 23 (para R1), 24 (para R2), 25 (para R3) e 26 (para as correlações entre os rebanhos). As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice E.

Tabela 23 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	229,08	228,50	229,59	16,62	178,60	302,20	196,20 a 260,90
$\hat{\sigma}_e^2$	352,49	352,70	354,29	12,55	301,10	398,70	327,20 a 376,40
$\hat{\sigma}_p^2$	581,57	581,45	582,06	9,16	549,70	624,10	564,20 a 599,80
$\hat{h}_a^2$	0,39	0,39	0,40	0,02	0,31	0,49	0,34 a 0,44

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 24 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	202,06	198,40	195,52	29,01	130,00	309,50	149,80 a 264,50
$\hat{\sigma}_e^2$	416,20	418,00	420,92	23,10	325,90	492,60	367,50 a 458,90
$\hat{\sigma}_p^2$	618,26	617,80	617,56	13,29	573,10	676,50	592,10 a 644, 10
$\hat{h}_a^2$	0,33	0,32	0,32	0,04	0,22	0,49	0,25 a 0,42

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 25 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica

R3	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	275,25	274,90	273,28	12,92	230,00	324,60	248,90 a 299,20
$\hat{\sigma}_e^2$	349,07	349,20	350,21	8,63	316,60	384,50	331,70 a 365,70
$\hat{\sigma}_p^2$	624,32	624,30	650,46	7,04	597,20	655,20	610,40 a 637,90
$\hat{h}_a^2$	0,44	0,44	0,44	0,02	0,38	0,50	0,41 a 0,47

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 26 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e correlações genéticas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica peso ao sobreano, obtidas em análise tri-característica

corr	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_{a1,a2}$	181,68	180,70	180,88	23,56	120,50	266,00	138,30 a 227,20
$\hat{\sigma}_{a1,a3}$	245,92	245,80	245,81	11,63	202,70	288,50	223,30 a 268,90
$\hat{\sigma}_{a2,a3}$	208,22	208,50	210,30	22,55	140,70	303,50	165,10 a 249,10
$\hat{r}_{a1,a2}$	0,85	0,83	0,79	0,08	0,63	0,99	0,72 a 0,99
$\hat{r}_{a1,a3}$	0,98	0,98	0,98	0,01	0,90	0,99	0,95 a 0,99
$\hat{r}_{a2,a3}$	0,88	0,87	0,98	0,06	0,71	0,99	0,79 a 0,98

$\hat{\sigma}_{a1,a2}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R2, $\hat{\sigma}_{a1,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R3, $\hat{\sigma}_{a2,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R2 e R3, $\hat{r}_{a1,a2}$ = correlação genética entre R1 e R2, $\hat{r}_{a1,a3}$ = correlação genética entre R1 e R3, $\hat{r}_{a2,a3}$ = correlação genética entre R2 e R3

Para os três rebanhos, as estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta e fenotípica foram maiores nas análises de características múltiplas em comparação às de características únicas, enquanto os componentes de variância residual foram menores.

Na análise tri-característica, a estimativa do coeficiente de herdabilidade do rebanho R2 apresentou-se consideravelmente mais elevado do que na análise uni-característica, ou seja, 37,5% superior. Para os rebanhos R1 e R3, estes aumentos foram de 5,40% e 4,76%, respectivamente. Ao que tudo indica, a avaliação por meio de análise de características múltiplas possibilita melhor inferência em rebanhos cuja participação do efeito residual na variância fenotípica é grande, como é o caso de R2.

Foram estimados coeficientes de herdabilidade de 0,39 para o rebanho R1, 0,33 para R2 e 0,44 para R3. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para peso ao sobreano obtidos neste estudo estão de acordo com os resultados de Balieiro (2001), que verificou estimativas variando de 0,31 a 0,45 para o peso ao sobreano na raça Nelore. Também em estudos com a raça Nelore, Albuquerque & El Faro (2008) verificaram estimativas de herdabilidade no valor de 0,49 para peso aos 550 dias. Boligon et al. (2008) e Marcondes et al. (2000) observaram estimativas de herdabilidade de 0,34 e 0,26, respectivamente, para esta característica. Campelo et al. (2003) observaram valores mais

baixos de herdabilidades para crescimento pós-desmama na raça Tabapuã, variando de 0,17 a 0,22.

As correlações genéticas obtidas para a característica peso ao sobreano na análise tri-característica foram de 0,85 entre R1 e R2, 0,98 entre R1 e R3 e 0,88 para R2 e R3. Estes valores não são indicativos de influência consistente da interação genótipo x ambiente sobre a característica nos rebanhos estudados. No entanto, esta afirmação necessita ser corroborada por altas correlações entre as DEPs dos reprodutores nestes ambientes, o que será descrito mais adiante.

As correlações genéticas aqui observadas estão bastante acima das obtidas por Mattar (2009), que observou correlações variando de 0,12 a 0,35 para o peso ao sobreano na raça Canchim em diferentes grupos de municípios paulistas. Diaz et al. (2009) obtiveram correlações genéticas de 0,72 a 0,96 para peso ao sobreano em animais Nelore localizados em cinco estados brasileiros (Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais).

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO

As médias das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica peso ao sobreano, obtidos a partir da análise tri-característica estão descritos nas Tabelas 27 (para R1), 28 (para R2), 29 (para R3) e 30 (correlações genéticas). As densidades das distribuições dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas podem ser observados no Apêndice F.

Tabela 27 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R1, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	95,20	94,48	91,44	9,67	62,37	129,60	78,40 a 115,50
$\hat{\sigma}_e^2$	277,79	278,00	279,08	7,98	249,60	307,40	261,40 a 292,40
$\hat{\sigma}_p^2$	372,99	372,90	372,76	5,64	351,95	396,00	361,68 a 383,50
$\hat{h}_a^2$	0,26	0,25	0,25	0,02	0,17	0,34	0,21 a 0,30

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 28 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R2, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	49,38	49,10	46,37	10,05	23,48	80,35	31,28 a 68,35
$\hat{\sigma}_e^2$	288,72	288,70	289,02	9,60	255,60	322,10	270,10 a 306,90
$\hat{\sigma}_p^2$	338,10	337,93	337,48	6,55	310,52	366,39	325,11 a 350,90
$\hat{h}_a^2$	0,15	0,14	0,14	0,03	0,07	0,23	0,09 a 0,20

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 29 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R3, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_a^2$	109,53	109,50	109,83	6,47	86,42	134,20	97,05 a 122,30
$\hat{\sigma}_e^2$	238,72	238,70	238,05	4,70	220,40	256,60	229,80 a 248,10
$\hat{\sigma}_p^2$	348,25	348,20	347,51	3,68	334,96	361,80	341,10 a 355,50
$\hat{h}_a^2$	0,31	0,31	0,32	0,02	0,26	0,38	

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva direta, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{h}_a^2$ = coeficiente de herdabilidade direta

Tabela 30 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e correlações genéticas entre os rebanhos R1, R2 e R3 para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidas em análise tri-característica

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_{a1,a2}$	51,02	50,93	52,90	8,47	23,28	83,73	34,62 70,17
$\hat{\sigma}_{a1,a3}$	99,26	99,17	98,29	6,67	75,22	126,20	86,33 a 112,20
$\hat{\sigma}_{a2,a3}$	59,97	59,99	60,53	8,27	34,89	89,45	43,95 a 75,88
$\hat{r}_{a1,a2}$	0,75	0,75	0,77	0,09	0,44	0,94	0,58 a 0,92
$\hat{r}_{a1,a3}$	0,97	0,97	0,98	0,01	0,92	0,99	0,95 a 0,99
$\hat{r}_{a2,a3}$	0,82	0,82	0,86	0,07	0,55	0,95	0,70 a 0,94

$\hat{\sigma}_{a1,a2}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R2, $\hat{\sigma}_{a1,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R1 e R3, $\hat{\sigma}_{a2,a3}$ = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos de R2 e R3, $\hat{r}_{a1,a2}$ = correlação genética entre R1 e R2, $\hat{r}_{a1,a3}$ = correlação genética entre R1 e R3, $\hat{r}_{a2,a3}$ = correlação genética entre R2 e R3

Assim como nas características anteriores, o resultado obtido para a estimativa do componente de variância genética aditiva direta para ganho de peso aumentou na análise tri-característica para ganho de peso, enquanto o componente de variância residual diminuiu.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram, para os rebanhos R1, R2 e R3, de 0,26, 0,15 e 0,31, respectivamente. Em relação à análise uni-característica, o acréscimo da estimativa do coeficiente de herdabilidade na análise tri-característica foi de 8,33% no rebanho R1, 67% em R2 e de 3,33% no rebanho R3. Mais uma vez foi notório o incremento da estimativa do coeficiente de herdabilidade para o rebanho R2 na análise de características múltiplas. A participação da variância residual na variância fenotípica de R2, que na primeira análise tinha sido de 91%, caiu para 85%.

Mascioli et al. (2006) apresentaram estimativas de herdabilidade no valor de 0,18 para o ganho de peso da desmama aos 12 meses na raça Canchim, enquanto Donoghue e Bertrand (2004) obtiveram estimativas de herdabilidade variando de 0,14 a 0,24 ao estudar a interação genótipo x ambiente sobre o ganho de peso pós-desmama no Canadá, EUA, Austrália e Nova Zelândia. Na raça Tabapuã, Campelo et al. (2003) verificaram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,17 a 0,22. Eler et al. (2000) constataram na raça Nelore herdabilidades de 0,21 (considerando a interação touro x rebanho) e 0,23 (desconsiderando

a interação touro x rebanho). Marcondes et al. (2000), também em animais Nelore, apontaram 0,18 como estimativa de herdabilidade para ganho de peso da desmama ao sobreano.

Quanto às correlações genéticas entre os desempenhos nos rebanhos, estas foram de 0,75 entre os rebanhos R1 e R2, 0,97 entre R1 e R3 e de 0,82 para R2 e R3, fornecendo indícios de uma possível presença de interação genótipo x ambiente entre R1 e R2 e entre R1 e R3. Ou seja, os genes que controlam a característica no rebanho R1 podem não coincidir em sua totalidade com aqueles que a expressam nos rebanhos R2 e R3. Esta constatação poderá ser confirmada com maior segurança após a comparação entre as classificações dos touros nos diferentes ambientes. As correlações genéticas obtidas para o ganho de peso entre os três rebanhos neste estudo estão de acordo com o que foi constatado por Donoghue & Bertrand (2004), os quais encontraram correlações genéticas variando de 0,89 a 0,94 na raça Charolesa. Lee e Bertrand (2002) observaram (entre Argentina, Estados Unidos, Uruguai e Canadá) correlações genéticas para esta mesma característica em animais Hereford variando de 0,51 a 0,92 na raça Hereford. Estudando o ganho de peso pós-desmama em um rebanho Canchim, Mascioli et al. (2006) obtiveram correlação de 0,65 para ganho pós desmama entre épocas de nascimento distintas na raça Canchim.

4.1.3 Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros

Foram calculadas as DEPs dos animais a partir dos resultados obtidos na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3) e tri-característica, para R1, R2 e R3. O Apêndice G contém os histogramas dos valores genéticos para peso à desmama de todos os animais, gerados a partir destas análises. O Apêndice H possui estas mesmas informações, mas apenas para os touros (machos com mais de 20 progênies distribuídas em pelo menos 2 rebanhos).

As correlações de Pearson entre as DEPs dos touros para a característica peso à desmama foram próximas de um (1,0), podendo ser observadas na Tabela 31.

Tabela 31 – Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica peso à desmama obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica

	Peso à Desmama			
Rebanhos	R1+R2+R3[a/]	R1[b/]	R2[c/]	R3[d/]
R1+R2+R3[a/]	1,00	0,99	0,99	0,99
R1[b/]	0,99	1,00	0,97	0,98
R2[c/]	0,99	0,97	1,00	0,98
R3[d/]	0,99	0,98	0,98	1,00

[a/]DEPs obtidas na análise uni-característica para o rebanho completo.

[b/] DEPs obtidas para o rebanho R1 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[c/] DEPs obtidas para o rebanho R2 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[d/] DEPs obtidas para o rebanho R3 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

Para os rebanhos R1, R2 e R3 as estimativas de correlações de Pearson com o rebanho completo (R1+R2+R3) foram todas no valor de 0,99. Entre R1 e R2 esta estimativa foi de 0,97, enquanto entre R1 e R3 estimou-se correlação de 0,98. Entre a dupla R2 e R3, esta estimativa também foi de 0,98. Estas correlações não são indicadoras da ação da interação genótipo x ambiente sobre o peso à desmama, e foram as mais elevadas em comparação às outras características estudadas. Ou seja, os animais são classificados de maneira semelhantes nas análises que desconsideram as diferenças entre os rebanhos.

Dodenhoff et al. (1999) observaram valores de correlação próximos aos deste estudo para peso à desmama na raça Angus. Estes mesmos autores observaram que a magnitude destas correlações foi menor quando a interação era incluída no modelo. Ao estudarem correlações de posto para peso à desmama em bovinos Tabapuã, Fridrich et al. (2005) obtiveram valores que variaram de -0,81 (entre as regiões Sul e Nordeste do Brasil) a 0,99 (entre Sul e Sudeste). Toral et al. (2004) observaram baixas correlações de Pearson entre os valores genéticos de touros para a característica peso à desmama, as quais se estenderam de 0,33 a 0,44 entre as três microrregiões estudadas e de 0,86 a 0,89 entre cada microrregião e o arquivo completo das três juntas. Lopes et al. (2008) verificaram correlações entre DEPs de touros Nelore variando de 0,15 a 0,33 entre os estados da região Sul brasileira.

Para a característica peso ao sobreano, o Apêndice I contém os histogramas dos valores genéticos de todos os animais, gerados a partir das análises. O Apêndice J possui estas mesmas informações, mas apenas para os touros. Estão representadas na Tabela 32

as correlações de Pearson encontradas entre as DEPs dos touros obtidas nas diferentes análises.

Tabela 32– Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica peso ao sobreano desmama obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica

	Peso ao Sobreano			
Rebanhos	R1+R2+R3[a/]	R1[b/]	R2[c/]	R3[d/]
R1+R2+R3[a/]	1,00	0,77	0,69	0,81
R1[b/]	0,77	1,00	0,70	0,95
R2[c/]	0,69	0,70	1,00	0,83
R3[d/]	0,81	0,95	0,83	1,00

[a/] DEPs obtidas na análise uni-característica para o rebanho completo.

[b/] DEPs obtidas para o rebanho R1 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[c/] DEPs obtidas para o rebanho R2 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[d/] DEPs obtidas para o rebanho R3 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

A correlação das DEPs dos touros do rebanho completo (R1+R2+R3) com o rebanho R1 foi de 0,77, enquanto que com R2 foi de 0,69. Entre R1+R2+R3 e R3 a correlação foi de 0,81. As DEPs do rebanho R1 e do rebanho R2 apresentaram correlação de 0,70, e entre R1 e R3 a correlação foi de 0,95. Entre as DEPs de R2 e R3, verificou-se correlação no valor de 0,83. Estes valores, principalmente entre o conjunto R1+R2+R3 com R1 e com R2 indicam que as DEPs dos animais sofreram alterações de acordo com os ambientes em questão. Ou seja, quando não se considera a diferença entre os ambientes e as avaliações são conduzidas considerando os rebanhos como um todo, pode haver erros na classificação dos touros. Lopes et al. (2008) constataram correlações abaixo das obtidas neste estudo, se estendendo de 0,12 a 0,51 para as DEPs de peso ao sobreano em touros Nelore na região sul. Estes autores sugerem especial atenção ao ambiente de origem de reprodutores e/ou sêmen, pois quanto maior a semelhança entre os ambientes, melhor a resposta fenotípica do material genético imigrante. Por outro lado, Balieiro (2001) obteve correlações mais elevadas para esta característica, variando de 0,97 a 0,99 entre valores genéticos de reprodutores Nelore para peso ao sobreano entre três níveis de variabilidade, em escala original (obtida por análises de características únicas) e específicas (obtidas por análises de características múltiplas). Toral et al. (2004), as detectaram correlações entre valores genéticos para peso ao sobreano entre 0,31 e 0,47 entre as três microrregiões estudadas e de 0,86 a 0,87 entre cada microrregião e o arquivo completo das três juntas.

Para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, o Apêndice K contém os histogramas dos valores genéticos de todos os animais, gerados a partir das análises. O Apêndice L possui estas mesmas informações, mas apenas para os touros. As correlações de Pearson entre as DEPs dos touros para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano podem ser observadas na Tabela 33.

Tabela 33– Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) dos touros para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano obtidas a partir da análise uni-característica e análise tri-característica

	Ganho de Peso da Desmama ao Sobreano			
Rebanhos	R1+R2+R3[a/]	R1[b/]	R2[c/]	R3[d/]
R1+R2+R3[a/]	1,00	0,81	0,77	0,83
R1[b/]	0,81	1,00	0,84	0,98
R2[c/]	0,77	0,84	1,00	0,92
R3[d/]	0,83	0,98	0,92	1,00

[a/] DEPs obtidas na análise uni-característica para o rebanho completo.

[b/] DEPs obtidas para o rebanho R1 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[c/] DEPs obtidas para o rebanho R2 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[d/] DEPs obtidas para o rebanho R3 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

Na característica ganho de peso da desmama ao sobreano, o rebanho completo (R1+R2+R3) apresentou estimativas de correlações de Pearson no valor de 0,81 com R1, 0,77 com R2 e 0,83 com o rebanho R3. Entre R1 e R2, a correlação das DEPs foi de 0,84, enquanto que para a dupla R1 e R3, esta estimativa foi de 0,98. Entre os rebanhos R2 e R3, a correlação de Pearson foi de 0,92. Estes valores de correlações foram inferiores aos verificados para ganho de peso por Balieiro (2001), cujas correlações entre graus de variabilidade em escala original e específicas variaram de 0,96 a 0,99.

Tanto para peso ao sobreano quanto para ganho de peso, notou-se que o rebanho completo R1+R2+R3 apresentou correlações menores com o rebanho R2. Isto poderia ser explicado em parte pela maior parcela de efeito residual presente em R2. Segundo Meinert et al. (1988), as características com menor herdabilidade, possivelmente por apresentarem maior porcentagem de variância ambiental, sofrem maior interferência da heterogeneidade de variâncias.

Assim como ocorreu no peso ao sobreano, as correlações entre DEPs de ganho de peso constatadas sugerem que os genes que expressam a característica em um ambiente não coincidem em sua totalidade com o conjunto de genes que controla esta característica em outro ambiente.

Com base nas DEPs para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidos por meio das análises de características únicas e múltiplas, foram selecionados e classificados os 25 melhores touros em cada análise. Dentro desta seleção, foram calculadas as porcentagens de animais em comum entre o rebanho completo R1+R2+R3 (DEPs obtidas por análise uni-caracaterística) e rebanhos R1, R2 e R3 (DEPs obtidas por análise tri-característica), como está demonstrado na Tabela 34.

Tabela 34 - Número total de touros e touros selecionados no rebanho completo (R1+R2+R3), bem como os índices de discordância (porcentagens de indivíduos selecionados no rebanho completo R1+R2+R3 não comuns aos selecionados nos rebanhos individuais R1, R2 e R3), para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano

Peso à Desmama					
Rebanho	Total	Selecionados	R1 [b/]	R2 [c/]	R3 [d/]
R1+R2+R3 [a/]	204	25	12%	16%	4%
Peso ao Sobreano					
Rebanho	Total	Selecionados	R1 [b/]	R2 [c/]	R3 [d/]
R1+R2+R3 [a/]	215	25	48%	40%	36%
Ganho de Peso da Desmama ao Sobreano					
Rebanho	Total	Selecionados	R1 [b/]	R2 [c/]	R3 [d/]
R1+R2+R3 [a/]	215	25	36%	20%	24%

[a/] DEPs obtidas na análise uni-característica para o rebanho completo.

[b/] DEPs obtidas para o rebanho R1 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[c/] DEPs obtidas para o rebanho R2 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

[d/] DEPs obtidas para o rebanho R3 na análise tri-característica entre R1, R2 e R3.

Para o peso à desmama, dos 25 animais classificados no rebanho completo (R1+R2+R3), 12% não coincidiram com os 25 selecionados no rebanho R1. Já com o rebanho R2, o rebanho completo (R1+R2+R3) obteve 16% dos indivíduos não selecionados em comum. Quanto ao rebanho R3, sua classificação apresentou discordância de 4% dos touros com o rebanho completo. Em outras palavras, dos 25 animais melhor classificados dentro do rebanho completo (R1+R2+R3), três deles não estavam entre os melhores selecionados do rebanho R1, e quatro não apareceram entre os melhores do rebanho R2. Na classificação em R3, o número de animais não comuns aos classificados em R1+R2+R3 foi de apenas um animal.

Dentre os 25 touros classificados para peso ao sobreano, o rebanho completo R1+R2+R3 e o rebanho R1 discordaram em comum 48% de seus animais. O conjunto R1+R2+R3 e o rebanho R2 apresentaram em suas classificações 40% de touros não comuns, e com R3 o índice de discordância foi de 36%.

No ganho de peso da desmama ao sobreano, dos 25 animais classificados no rebanho completo R1+R2+R3, 36% não coincidiram com os 25 selecionados no rebanho R1. Com o rebanho R2, o rebanho completo obteve 20% dos indivíduos não selecionados em comum. Já com o rebanho R3, sua classificação apresentou discordância de 24% dos touros com o conjunto R1+R2+R3.

Para a característica peso a desmama, embora tenha ocorrido alteração do posto dos animais, a concordância entre os animais classificados foi sempre acima de 84%, o que não caracterizaria sólida influência da presença de interação genótipo x ambiente sobre esta característica nos rebanhos estudados.

Os altos índices de discordância observados para as características peso ao sobreano e ganho de peso ao sobreano devem ser considerados evidências da interação genótipo x ambiente agindo sobre estas características. Como foram demonstradas nas páginas anteriores para estas duas características, todas as correlações genéticas entre os rebanhos foram acima de 0,82 (exceto para o ganho de peso entre R1 e R2, que foi de 0,75), o que não denotaria grande efeito da interação. Porém, uma análise mais detalhada via reordenação dos touros trouxe à tona evidências que não puderam ser vistas apenas com base na análise das correlações entre os desempenhos nos diferentes ambientes. Segundo Toral et al. (2004), as correlações entre a classificações dos animais assumem grande importância quando se considera que, em programas de seleção, apenas os indivíduos com os melhores valores genéticos são escolhidos para reprodução e, sendo os valores de correlação baixos, um touro escolhido com base nas informações dos filhos criados em determinada região poderia não ser escolhido se avaliado pelas informações de seus filhos criados em outras regiões.

Para melhor compreensão dos dados acima, foram feitos gráficos de dispersão com quadrantes definidos pelos pontos de truncamento dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo (R1+R2+R3) e tri-característica para R1, R2 e R3. O ponto de truncamento compreende a DEP do 25º touro colocado segundo cada tipo de análise. As Figuras 1, 2 e 3 contêm os gráficos de dispersão para peso à desmama, enquanto as Figuras 4, 5 e 6 representam estas informações para o peso ao sobreano. Para o ganho de peso da desmama ao sobreano, as dispersões das DEPs estão representadas nas Figuras 7, 8 e 9.

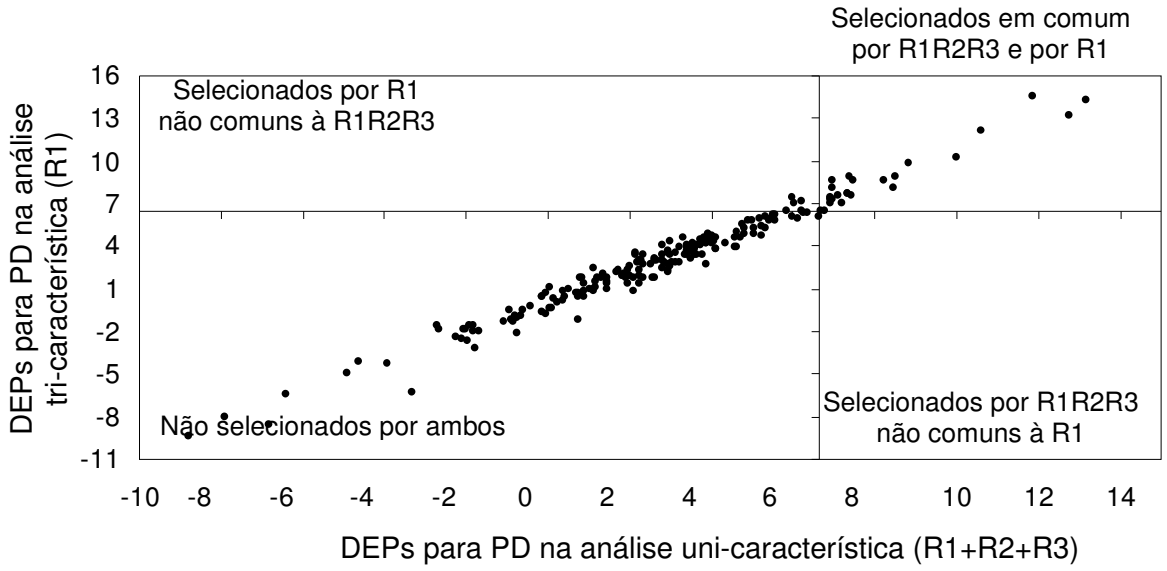


Figura 1 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (6,48 kg)

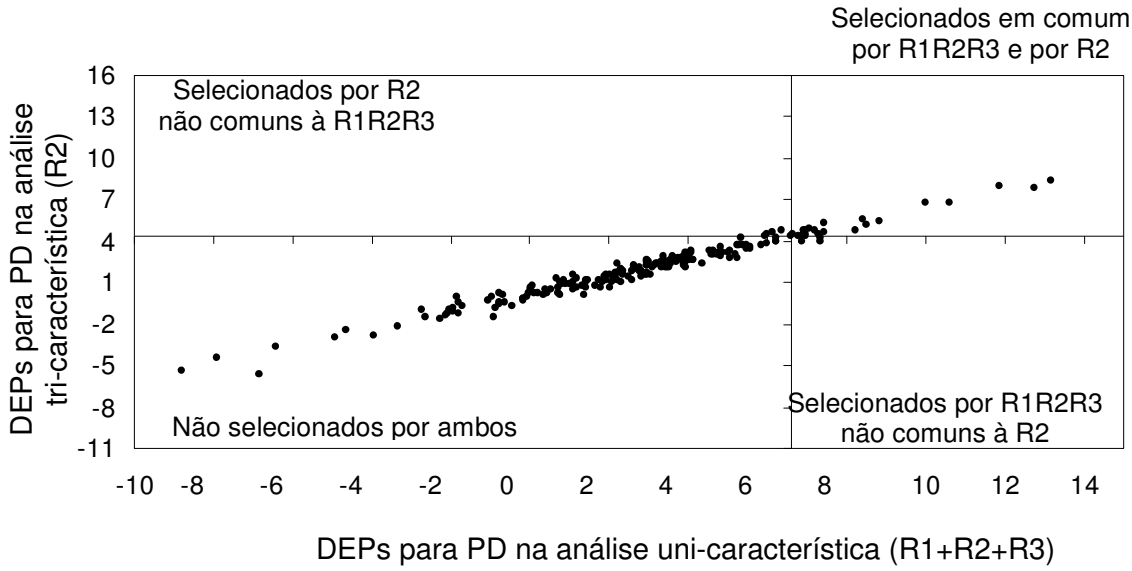


Figura 2 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (4,33 kg)

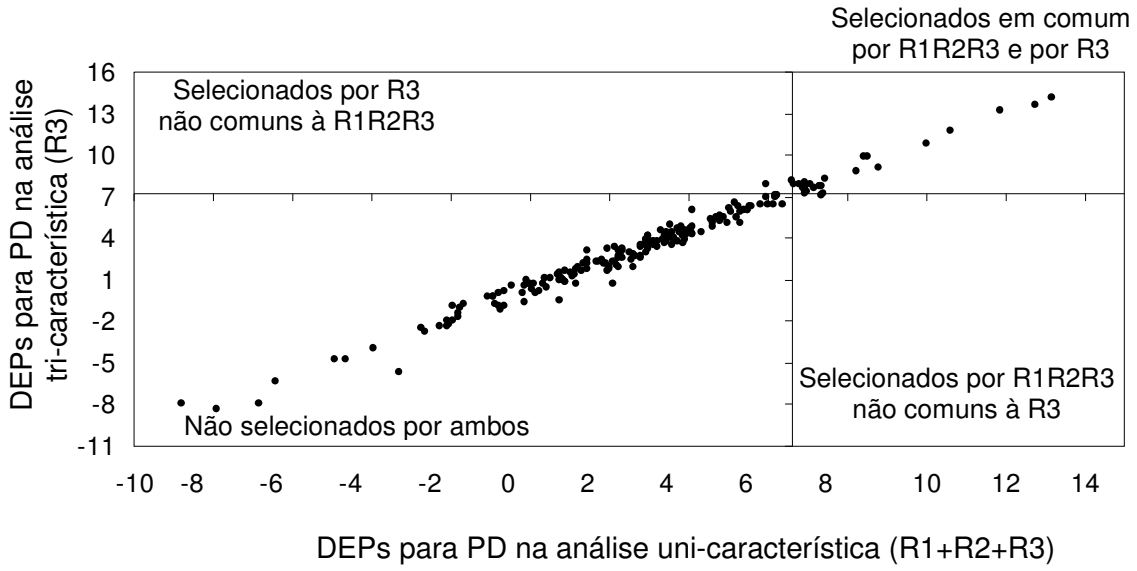


Figura 3 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do conjunto de rebanhos R1+R2+R3 (6,62 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (7,19 kg)

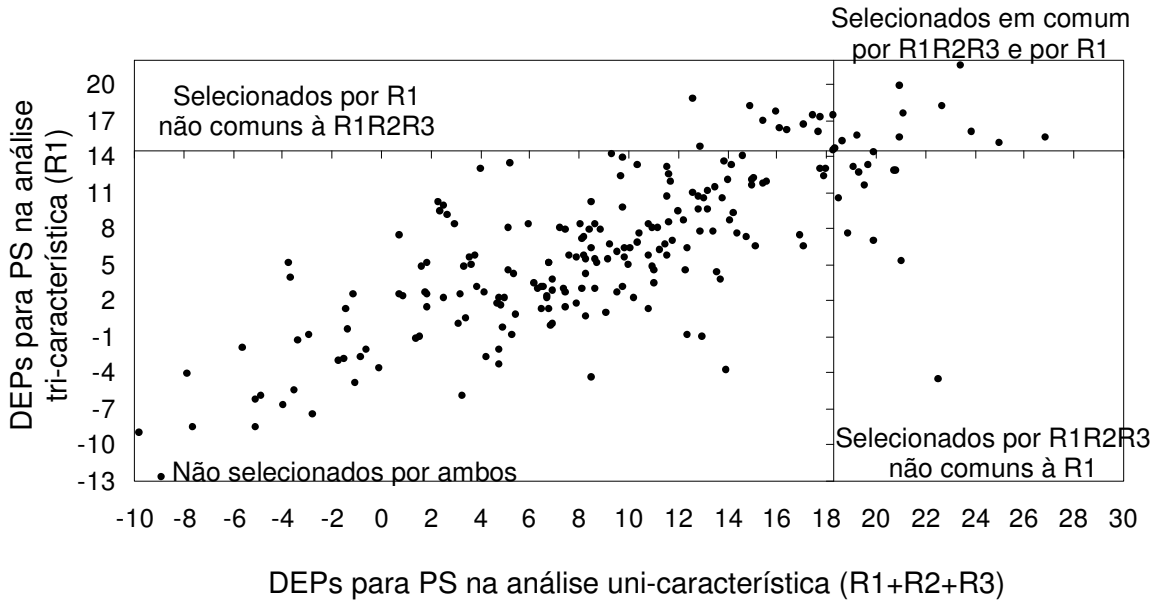


Figura 4 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (14,43 kg)

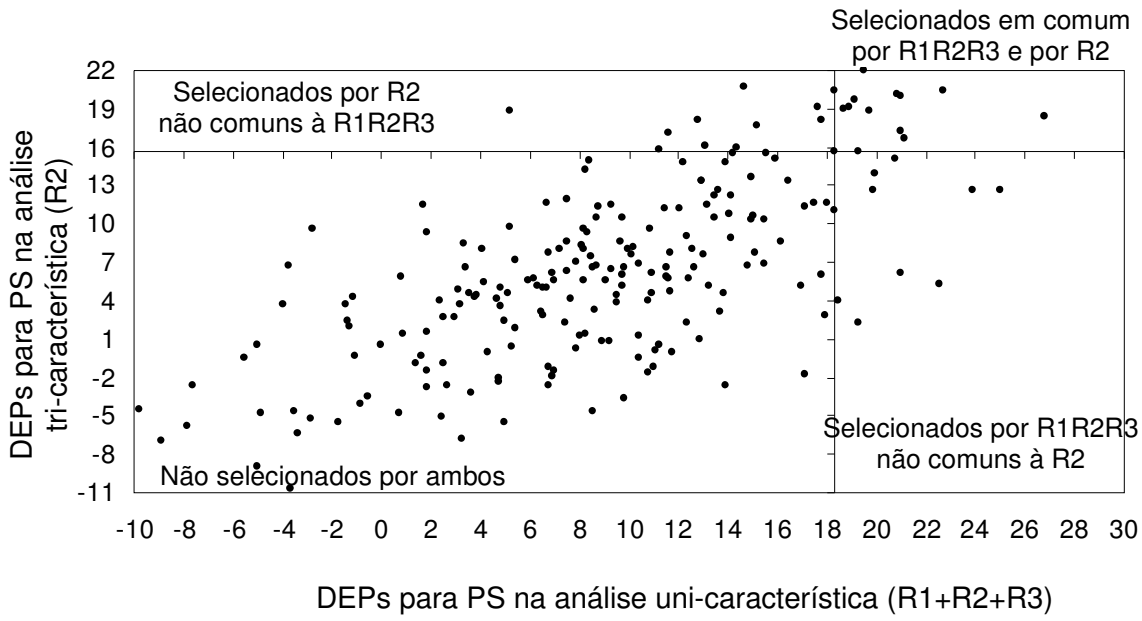


Figura 5 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (15,65 kg)

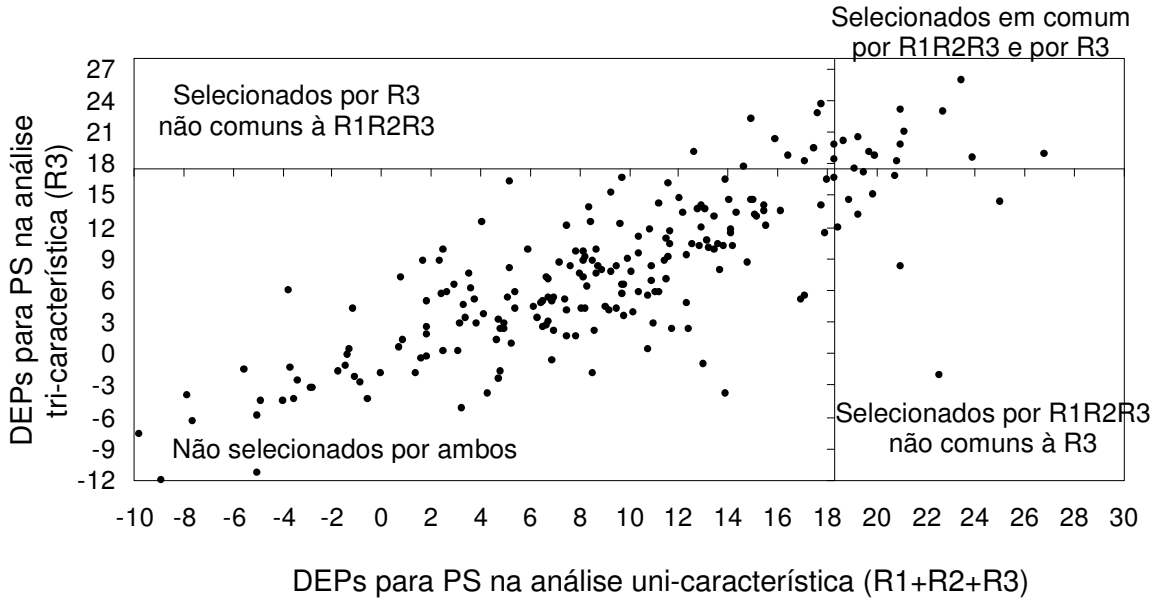


Figura 6 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (18,29 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (17,43 kg)

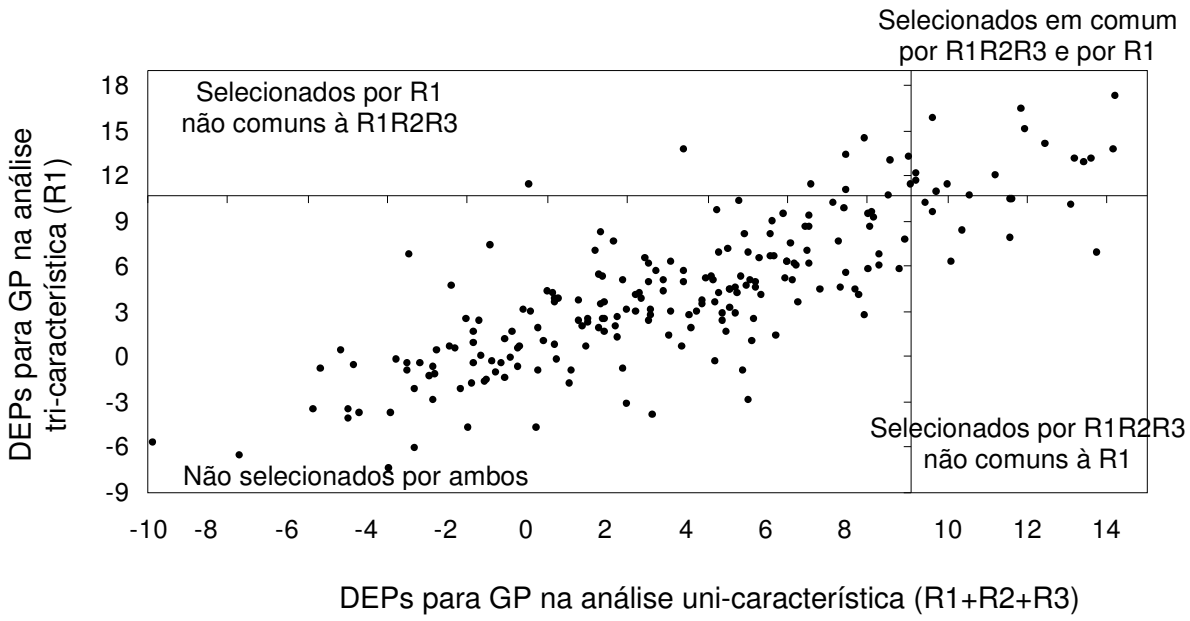


Figura 7 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamento dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R1 (10,66 kg)

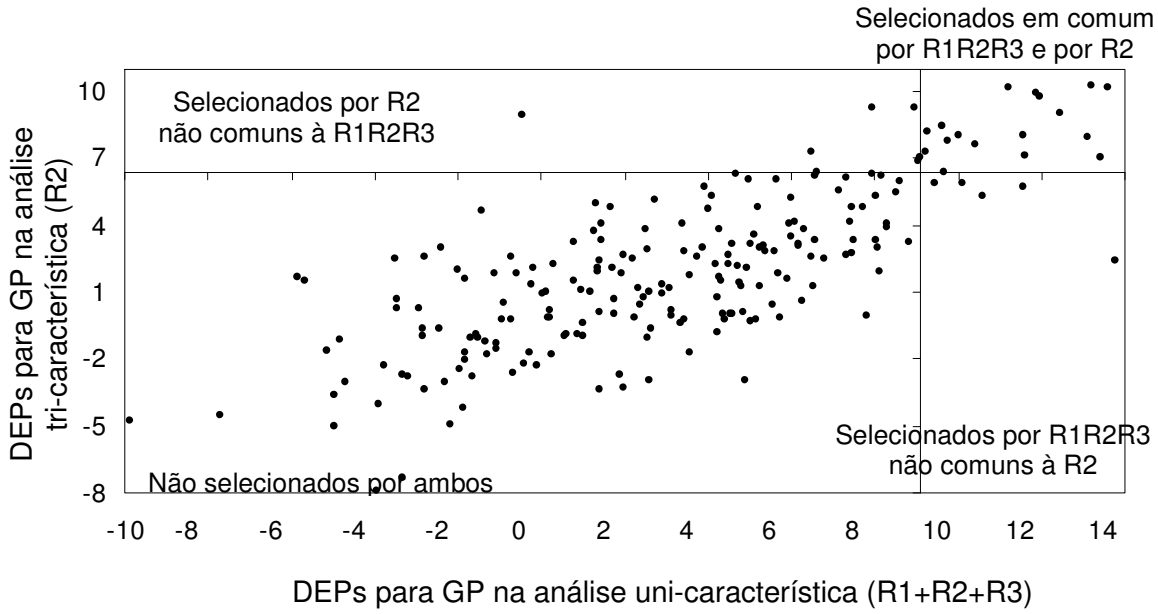


Figura 8 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R2 (6,40 kg)

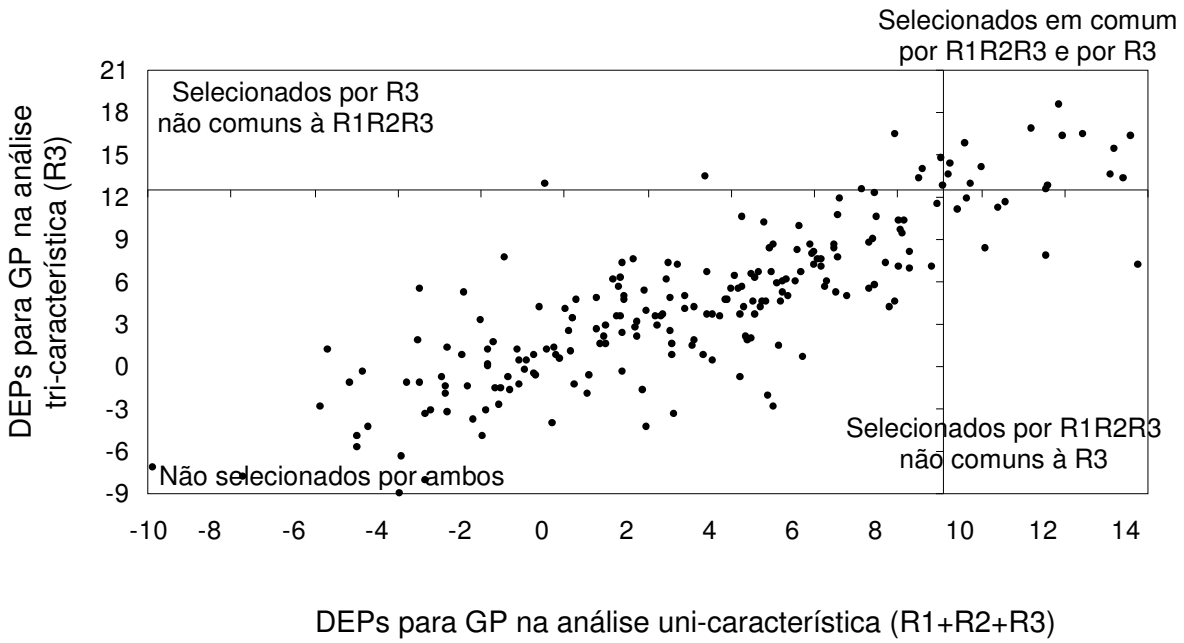


Figura 9 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 25 touros melhores classificados para a análise uni-característica do rebanho completo R1+R2+R3 (9,08 kg) e tri-característica para o rebanho R3 (12,47 kg)

4.2 Interação genótipo x ambiente via normas de reação

A. PESO À DESMAMA

Representado por 1.630 grupos contemporâneos, o gradiente ambiental em que foi realizada a análise para peso à desmama foi dividido em 13 níveis, como pode ser visto na Figura 10:

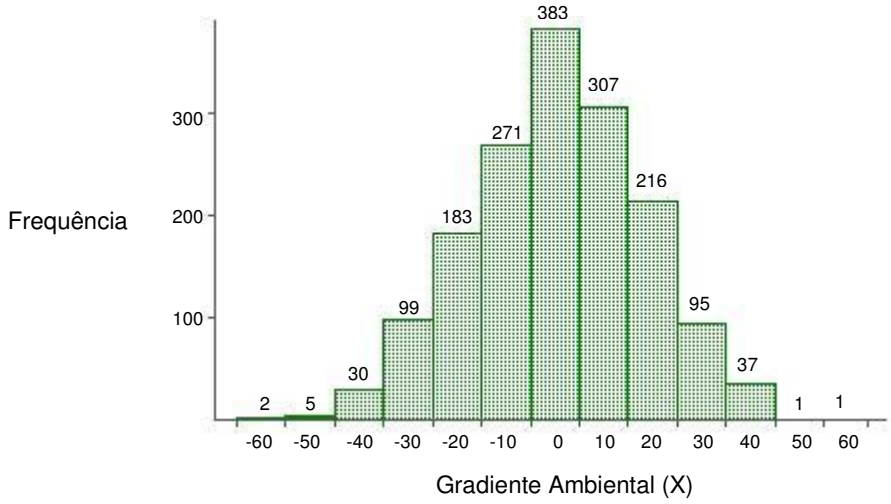


Figura 10 – Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de peso à desmama dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg)

As soluções dos grupos contemporâneos distribuídos no gradiente ambiental estenderam-se de -58 a +56 kg, sendo estes valores representados pelos desvios dos mesmos em relação à média geral. Os grupos contemporâneos foram distribuídos em níveis de 10 em 10 kg, conforme seus respectivos desvios. A média dos desvios foi de 0,55 kg, a qual, por se tratar do nível ambiental médio, foi considerada como sendo zero. A mediana e o desvio-padrão foram de 0,88 e 18,14 kg, respectivamente. O número de animais dentro dos níveis formados pelos grupos contemporâneos está apresentado na Tabela 35.

As médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para os componentes de (co)variância estudados podem ser observados na Tabela 36.

Tabela 35 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para peso à desmama

Nível do gradiente ambiental (X)	Número de animais
-60	46
-50	93
-40	1232
-30	2623
-20	4790
-10	7609
0	13735
10	11762
20	9394
30	4820
40	1898
50	12
60	18
Total	58.032

Tabela 36 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância obtidas a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso à desmama

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_x^2$	345,07	344,79	344,78	15,22	287,14	403,57	315,57 a 375,47
$\hat{\sigma}_a^2$	44,36	44,31	43,74	3,69	32,54	55,99	36,83 a 51,30
$\hat{\sigma}_m^2$	19,86	19,82	18,97	3,55	7,81	31,30	12,04 a 27,69
$\hat{\sigma}_{a,m}$	10,27	10,46	11,12	2,43	2,75	15,62	5,14 a 14,32
$\hat{\sigma}_b^2$	0,029	0,029	0,029	0,003	0,22	0,038	0,024 a 0,035
$\hat{\sigma}_{a,b}$	0,85	0,85	0,84	0,07	0,65	1,08	0,72 a 0,99
$\hat{\sigma}_{m,b}$	0,34	0,34	0,34	0,06	0,16	0,58	0,22 a 0,48
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	47,11	47,01	46,72	3,26	37,36	59,01	40,85 a 53,69
$\hat{\sigma}_p^2$	360,48	360,46	360,39	2,86	351,23	370,12	354,83 a 366,12
$\hat{\sigma}_e^2$	238,88	238,89	238,94	3,00	228,78	250,07	232,93 a 244,46

$\hat{\sigma}_x^2$ = variância dos grupos contemporâneos, $\hat{\sigma}_a^2$ = variância do intercepto da norma de reação (efeito genético aditivo direto), $\hat{\sigma}_m^2$ = variância genética aditiva materna, $\hat{\sigma}_{a,m}$ = covariância entre efeitos genético aditivo direto (intercepto) e materno, $\hat{\sigma}_b^2$ = variância da inclinação da norma de reação, $\hat{\sigma}_{a,b}$ = covariância entre intercepto e inclinação, $\hat{\sigma}_{m,b}$ = covariância entre efeito materno e inclinação, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância de ambiente permanente da vaca, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta e materna, bem como as correlações entre os efeitos genéticos aditivo direto e materno, entre intercepto e inclinação e entre efeito materno e inclinação da norma de reação estão representadas na Tabela 37.

Tabela 37 - Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para os parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso à desmama

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{h}_a^2$	0,13	0,13	0,13	0,01	0,11	0,18	0,12 a 0,17
$\hat{h}_m^2$	0,06	0,06	0,06	0,01	0,03	0,10	0,04 a 0,09
$\hat{r}_{a,m}$	0,35	0,35	0,35	0,10	0,09	0,69	0,15 a 0,54
$\hat{r}_{a,b}$	0,75	0,75	0,75	0,03	0,63	0,86	0,68 a 0,81
$\hat{r}_{m,b}$	0,45	0,45	0,46	0,08	0,23	0,71	0,30 a 0,61

($\hat{h}_a^2$) = coeficiente de herdabilidade direta, ($\hat{h}_m^2$) = coeficiente de herdabilidade materna, ($\hat{r}_{a,m}$) = correlação entre efeitos genéticos direto e materno, ($\hat{r}_{a,b}$) = correlação entre intercepto e inclinação, ($\hat{r}_{m,b}$) = correlação entre efeito materno e inclinação das normas de reação.

Na distribuição a *posteriori* do componente de variância dos grupos contemporâneos, os valores próximos entre média, mediana e moda evidenciam sua aproximação a de uma distribuição normal. O mesmo aconteceu com todos os outros componentes e parâmetros genéticos apresentados nas tabelas acima. Os gráficos das densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância estimados para o peso à desmama podem ser observados no Apêndice M.

As estimativas dos componentes de variância para intercepto e inclinação das normas de reação, bem como para o efeito genético aditivo materno, grupos contemporâneos e ambiente permanente da vaca foram de 44,36, 0,029, 19,86, 345,07 e 47,11, respectivamente. As estimativas dos componentes de variância residual e fenotípica foram de 238,88 e 360,48. A razão entre estes dois últimos componentes foi de 0,66.

Com relação aos coeficientes de herdabilidade direta e materna, as estimativas foram de 0,15 e 0,06, respectivamente. A estimativa do coeficiente de herdabilidade direta para peso à desmama obtida por Maricle (2008), com normas de reação em diferentes regiões dos Estados Unidos, foi semelhante à estimativa obtida neste estudo. Ao comparar modelos com diferentes critérios ambientais em estudos de interação genótipo x ambiente para peso à desmama em raças de corte, Vostrý et al. (2008) encontraram valores abaixo destes quando o critério utilizado foi o nível de desempenho do rebanho. Tais autores observaram valores quase idênticos para estimativas de coeficiente de herdabilidade

materna entre modelos considerando e não considerando a presença de interação genótipo x ambiente.

A correlação entre os efeitos genéticos aditivo direto e materno foi de 0,35, não demonstrando antagonismo entre eles. A correlação entre as estimativas dos componentes de variância do intercepto e da inclinação foi de 0,75. Isto indica que a sensibilidade às alterações de ambiente aumenta conforme a seleção para maiores valores genéticos. Se por um lado esta relação positiva é vantajosa por permitir o incremento da produção em um gradiente ambiental crescente, por outro lado ela acaba por ser prejudicial, já que em ambientes menos favoráveis os animais selecionados terão seus desempenhos mais prejudicadas.

A correlação entre as estimativas dos componentes de variância materna e de inclinação da norma de reação foi de 0,45. Assim, o componente materno também pode influenciar indiretamente a sensibilidade do animal frente às alterações ambientais. Não foram encontrados na literatura trabalhos com normas de reação para características de crescimento em bovinos com inclusão de efeito materno. Einum e Fleming (1999) estudaram a significância adaptativa do efeito materno observando normas de reação em trutas, através do tamanho dos ovos das mesmas. Eles observaram normas de reação distintas, em que as diferenças nos desempenhos de juvenis de ovos grandes e pequenos foram mais pronunciadas em ambientes desfavoráveis. A existência destas normas de reação indicou variações do tamanho ótimo dos ovos no gradiente ambiental. Assim como ocorre neste exemplo, a significância adaptativa do efeito materno em bovinos também merece especial atenção, visto que o mesmo age como um mecanismo de resposta à heterogeneidade de ambientes, influenciando indiretamente a progênie.

É importante ressaltar que, no modelo de análise conduzido no presente estudo, somente o efeito genético aditivo direto tem norma de reação, enquanto o efeito materno (e de ambiente permanente da mãe) segue o caso clássico, que não depende do gradiente ambiental. A ação do componente materno sobre o desempenho do animal nos níveis do gradiente ambiental se dá pela correlação do mesmo com a inclinação da norma de reação. Deste modo, a estimativa da variância genética aditiva materna permanece a mesma para todos os níveis do gradiente ambiental. Já a estimativa do coeficiente de herdabilidade materna se altera nestes níveis, visto que o denominador da equação deste parâmetro depende do gradiente ambiental através da variância genética aditiva direta própria de cada nível.

As Tabelas 38 e 39 representam as médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade das estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas, bem como dos coeficientes de herdabilidade direta e materna no gradiente ambiental.

Tabela 38 - Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas e dos coeficientes de herdabilidade direta no gradiente ambiental para peso à desmama

Gradiente ambiental	$\hat{\sigma}_a^2$		$\hat{h}_a^2$	
	Média ± DP	IC (95%)	Média ± DP	IC (95%)
-60	47,05 ± 7,10	35,06 a 64,19	0,13 ± 0,02	0,10 a 0,17
-50	32,01 ± 4,91	23,64 a 44,03	0,09 ±0,01	0,07 a 0,12
-40	22,81 ± 3,42	16,64 a 30,06	0,07 ± 0,01	0,05 a 0,08
-30	19,45 ± 2,72	14,52 a 25,07	0,06 ± 0,01	0,04 a 0,07
-20	21,91 ± 2,71	17,09 a 27,45	0,06 ± 0,01	0,05 a 0,08
-10	30,22 ± 3,08	24,44 a 36,17	0,09 ± 0,01	0,07 a 0,10
0	44,36 ± 3,69	36,79 a 51,30	0,13 ± 0,01	0,11 a 0,15
10	64,33 ± 4,65	54,97 a 72,93	0,17 ± 0,01	0,15 a 0,19
20	90,14 ± 6,08	78,34 a 101,81	0,22 ± 0,01	0,20 a 0,25
30	121,79 ± 8,07	106,86 a 137,91	0,28 ± 0,02	0,25 a 0,31
40	159,27 ± 10,66	139,71 a 181,32	0,33 ± 0,02	0,30 a 0,37
50	202,58 ± 13,85	177,37 a 231,05	0,39 ± 0,02	0,36 a 0,42
60	251,73 ± 17,62	219,79 a 250,77	0,44 ± 0,02	0,41 a 0,48

Tabela 39 - Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas dos coeficientes de herdabilidade materna no gradiente ambiental para peso à desmama

Gradiente ambiental	$\hat{h}_m^2$	
	Média ± DP	IC (95%)
-60	0,055 ± 0,010	0,03 a 0,08
-50	0,057 ± 0,010	0,03 a 0,08
-40	0,058 ± 0,010	0,03 a 0,08
-30	0,059 ± 0,010	0,03 a 0,08
-20	0,059 ± 0,010	0,03 a 0,08
-10	0,057 ± 0,010	0,03 a 0,08
0	0,057 ± 0,010	0,03 a 0,08
10	0,052 ± 0,009	0,03 a 0,07
20	0,049 ± 0,009	0,03 a 0,07
30	0,045 ± 0,008	0,03 a 0,06
40	0,042 ± 0,007	0,03 a 0,06
50	0,038 ± 0,007	0,02 a 0,05
60	0,035 ± 0,006	0,02 a 0,05

Nas Figuras 11 e 12 encontram-se as curvas das estimativas dos coeficientes de herdabilidade nos diferentes níveis do gradiente ambiental, apresentados nas duas tabelas anteriores.

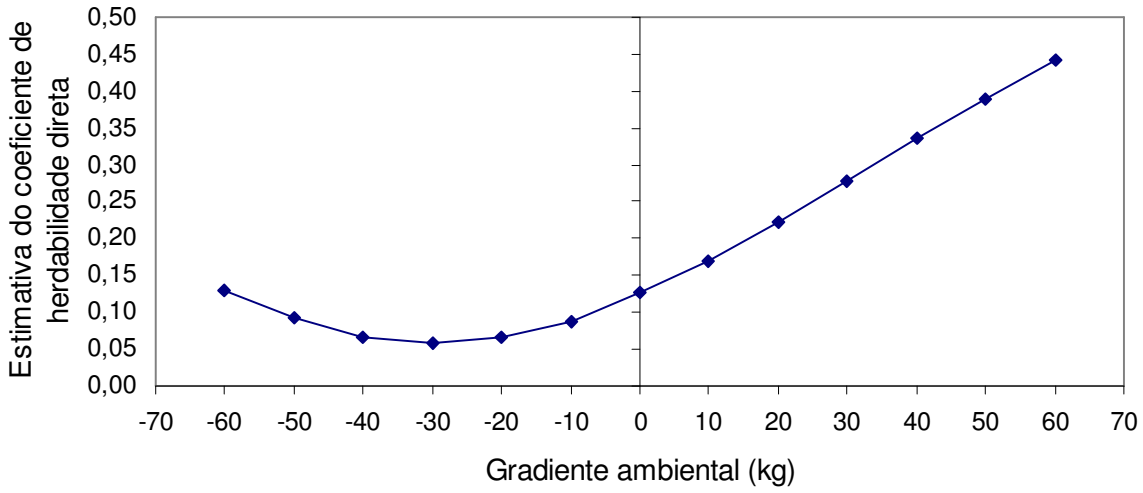


Figura 11 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta para peso à desmama no gradiente ambiental

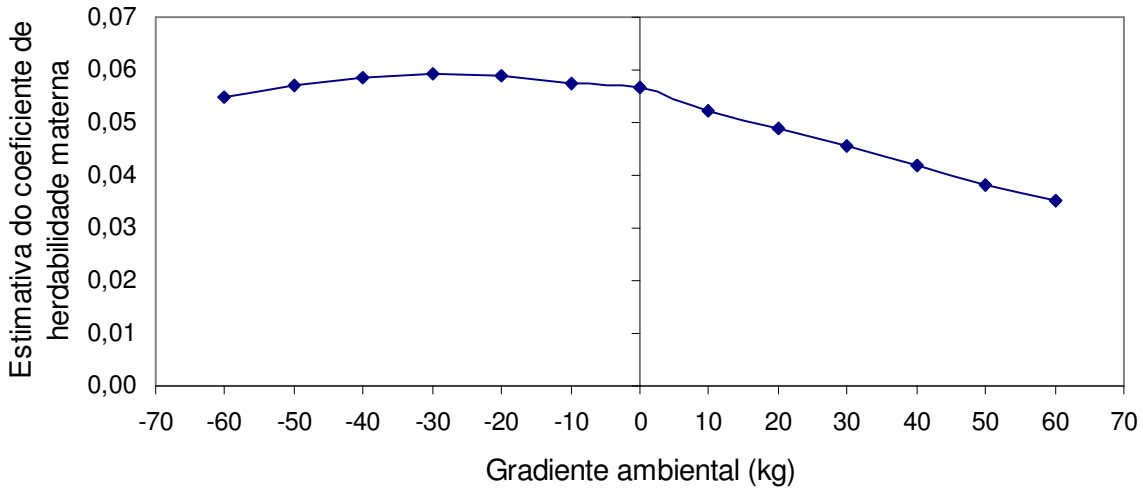


Figura 12 – Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade materna para peso à desmama no gradiente ambiental

No caso das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta, observou-se uma curva ligeiramente em formato de parábola, denotando uma relação não linear entre herdabilidade e nível ambiental. Tendo como ponto máximo o valor de 0,44 no nível ambiental mais alto, a curva decresce até atingir seu ponto mínimo, de 0,05 no nível

ambiental X = -30 kg. A partir deste ponto, as estimativas da herdabilidade voltam a subir, atingindo 0,13 no nível ambiental mais baixo. Este resultado pode ser consequência da utilização de um modelo que não considera a heterogeneidade das variâncias residuais no gradiente ambiental. Ambientes extremamente bons ou extremamente ruins permitem em menor grau as variações fenotípicas, o que resultaria no aumento do coeficiente de herdabilidade nestes extremos. Pégolo et al. (2009) verificaram este mesmo comportamento nas curvas das herdabilidades em estudos de normas de reação para peso aos 450 dias na raça Nelore. Segundo estes mesmos autores, a estimação das variâncias residuais de forma diferenciada seria necessária, visto a grande heterogeneidade que ocorre nos níveis do gradiente ambiental.

Menos acentuada, a curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade materna no gradiente ambiental acompanhou de maneira inversa o comportamento da curva da herdabilidade direta. Isto se deve ao fato de que, como já foi dito, o componente aditivo direto de cada nível participou do denominador da equação do coeficiente de herdabilidade materna, enquanto o numerador permaneceu constante.

As normas de reação para os 25 touros melhores colocados no *ranking* para o peso à desmama podem ser observadas na Figura 13

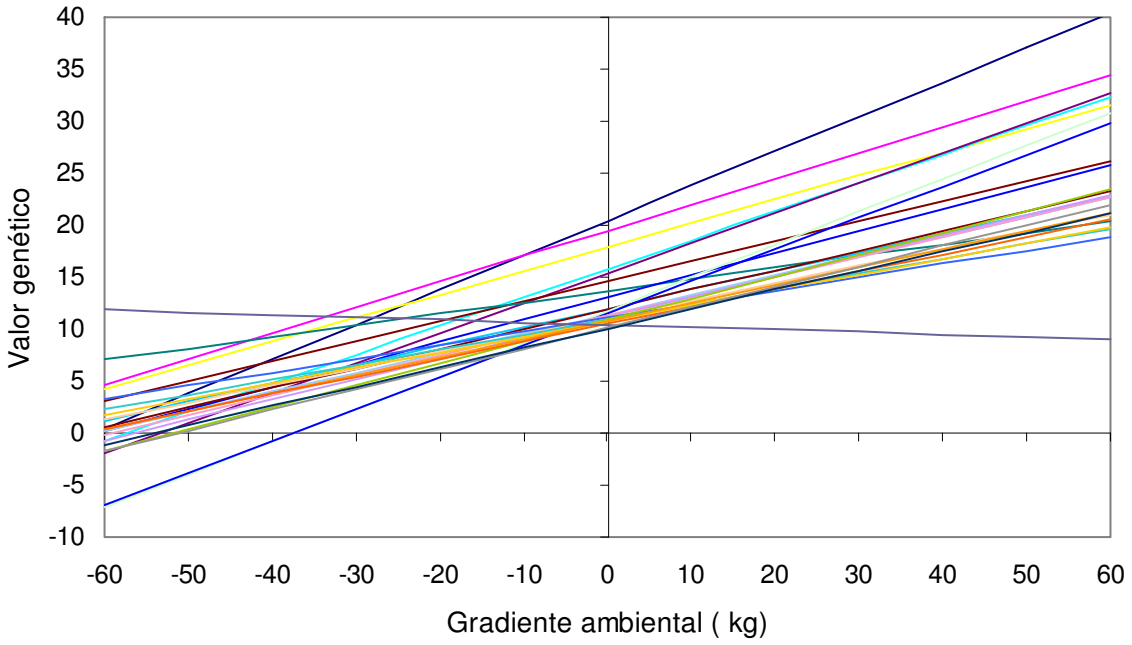


Figura 13 – Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama

A presença de interação genótipo x ambiente pode ser percebida pela disposição das normas de reação na figura, que cruzam entre si. Estes pontos de intersecção são

indicativos de alteração na colocação dos touros no *ranking* para a característica. A interação genótipo x ambiente pode se caracterizar por alterações na classificação dos animais ou apenas por uma mudança em escala (Falconer e Mackay, 1996). Tradicionalmente, os criadores estariam mais preocupados com o reordenamento dos animais do que com as diferenças em escala entre ambientes, já que diferenças escalares não afetariam propriamente o *ranking* dos animais (CALUS e VEERKAMP, 2003).

Apenas um touro desenvolveu norma de reação descendente, ou seja, apresentou coeficiente de inclinação negativa. Baseado no valor genético estimado no nível médio do gradiente ambiental, este animal ficou na 23ª colocação. No nível ambiental X = -60 kg, o touro passou a ser o primeiro classificado no *ranking*, ou seja, o de maior valor genético dentre os 25 touros. Já no nível ambiental X = 60 kg, sua classificação caiu para o último lugar. Acredita-se que a seleção deste animal tenha sido feita com base em informações provenientes de ambientes de baixa produção, ou seja, locais onde ele possui maior habilidade de expressar seu potencial genético.

Os Apêndices N e O contêm, respectivamente, as distribuições dos valores genéticos para peso à desmama de todos os animais do rebanho e também para todos os touros, nos níveis ambientais X=0 (ambiente médio), X=-60 kg (nível ambiental mais baixo) e X=60 kg (nível ambiental mais alto).

Estão representados na Figura 14 os histogramas dos coeficientes de inclinação das normas de reação para peso à desmama em todos os animais do rebanho e também dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama.

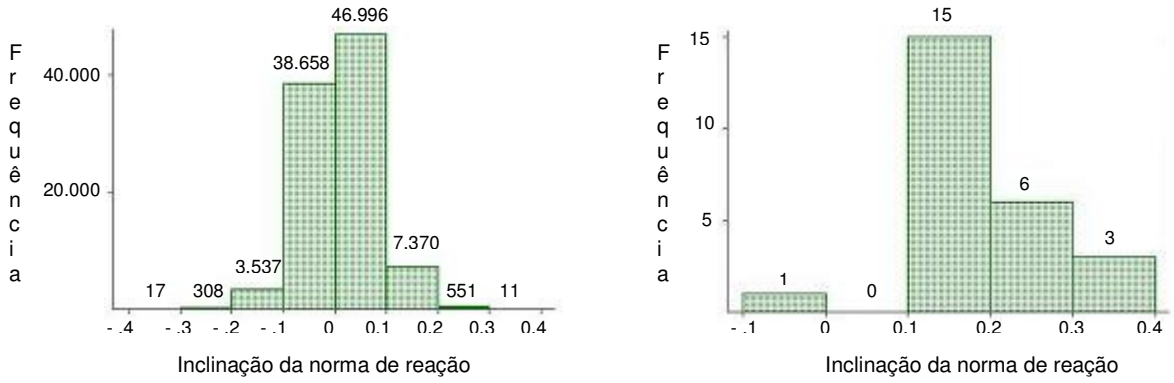


Figura 14 – Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama (à direita)

O coeficiente de inclinação da norma de reação é uma medida da sensibilidade do animal em direção à mudança ambiental, podendo ser tratada como uma característica do

animal. A variação genética desta característica resulta em interação genótipo x ambiente e uma correlação genética menor que um (1,0) entre valores fenotípicos medidos em ambientes diferentes (KOLMODIN e BIJMA, 2004). Quando se levaram em consideração todos os animais, a maior parte deles (87%) se concentrou nas classes cuja inclinação vai de -0,1 a 0,1. No entanto, quando esta classificação foi feita apenas com os melhores touros do rebanho, 84% deles se concentraram entre os coeficientes de 0,1 a 0,3. Nenhum dos touros se classificou entre os coeficicientes de inclinação 0 a 0,1. Assim, pode-se inferir que a maior parte destes reprodutores é claramente o resultado de um processo de seleção em ambientes de média a alta produção, onde sua superioridade genética foi mais pronunciada em relação aos demais, já que sua capacidade de resposta (produto de sua maior sensibilidade) é mais acentuada nestes ambientes.

Quanto maior o coeficiente de inclinação, maior será a plasticidade fenotípica do animal. Por plasticidade fenotípica entende-se a variação do fenótipo em resposta a fatores ambientais, enquanto aqueles que demonstram pequena variação entre ambientes são denominados robustos (KIRKPATRICK e BATAILLON, 1999; DE JONG e BIJMA, 2002). Pégolo (2005) sugeriu selecionar animais com desempenho semelhante em todos os ambientes, esperando-se como resultado um processo de ‘canalização ambiental’, em que o desenvolvimento do indivíduo não se altera apesar das variações ambientais. Para De Jong e Bijma, 2002, considerar a plasticidade fenotípica em programas de melhoramento pode ser importante, como por exemplo, direcionando o aumento da robustez dos animais em programas que produzem material genético para um conjunto de ambientes de produção. O modelo desenvolvido por Kirkpatrick e Bataillon (1999) utilizou a plasticidade fenotípica no desenvolvimento de pesos para índices de seleção, de modo a maximizar as respostas ponderadas nos diferentes ambientes.

Na Figura 15 pode-se observar o gráfico das correlações entre os valores genéticos dos animais de todo o rebanho nos níveis do gradiente ambiental. A Figura 16 corresponde ao mesmo gráfico, mas contendo apenas as informações dos 204 touros melhores colocados no *ranking* para o peso à desmama.

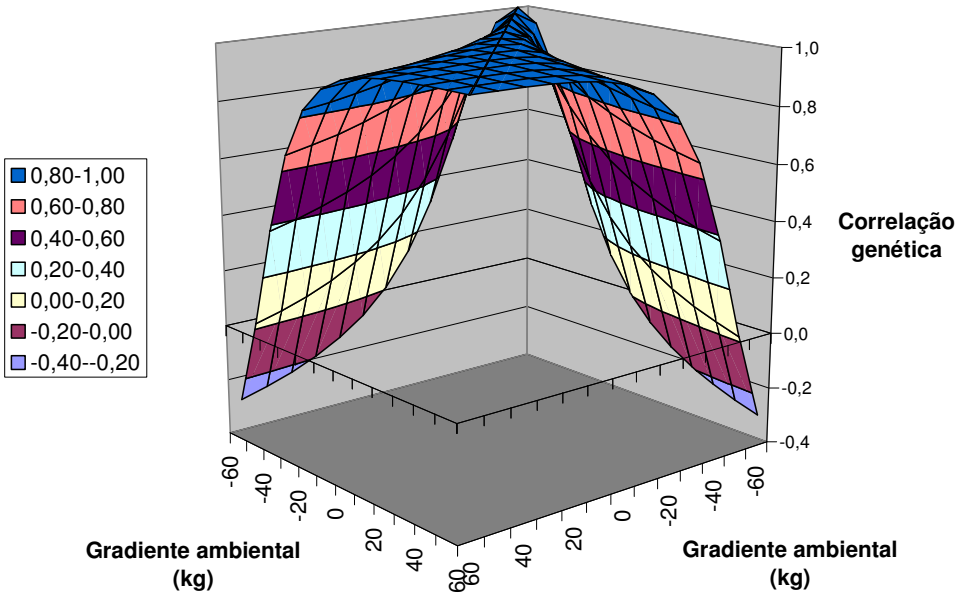


Figura 15 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para peso à desmama

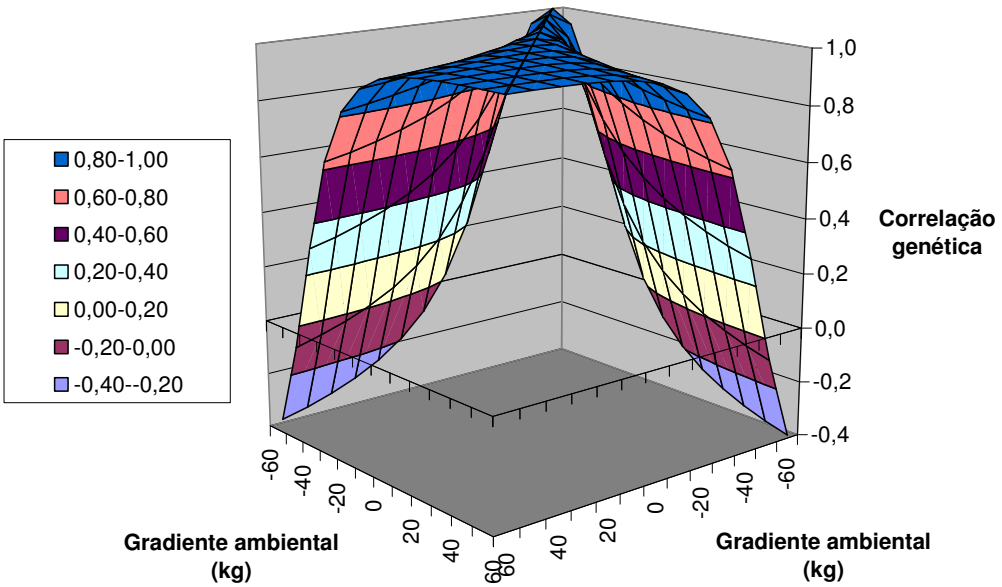


Figura 16 – Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para peso à desmama

Para ambos os gráficos, as correlações genéticas foram mais elevadas quando envolviam ambientes altamente favoráveis. Por exemplo, na Figura 17, o ambiente mais favorável (X = 60 kg) apresentou correlações abaixo de 0,8 somente com os níveis X = -30, -40, -50 e -60 kg. Já o ambiente menos favorável (X = -60 kg) apresentou correlação abaixo de 0,8 com todos os outros níveis do gradiente ambiental, exceto com o nível X = -50 kg.

A amplitude das correlações foi maior entre os touros, ou seja, de -0,38 a 0,99 contra -0,29 a 0,99 entre todos os animais. A maior amplitude das correlações entre os touros é reflexo de sua sensibilidade mais acentuada às mudanças ambientais (como foi demonstrado na Figura 14), ou seja, são os animais que melhor respondem nos ambientes favoráveis e os mais afetados nos ambientes desfavoráveis. Maricle (2008) e Corrêa et al. (2009) também verificaram correlações genéticas negativas em estudos de normas de reação para características de crescimento.

B. PESO AO SOBREANO

O gradiente ambiental em que foi realizada a análise para peso ao sobreano continha 1.590 grupos contemporâneos divididos em intervalos de 10 em 10 kg, totalizando 20 níveis, como pode ser visto na Figura 17.

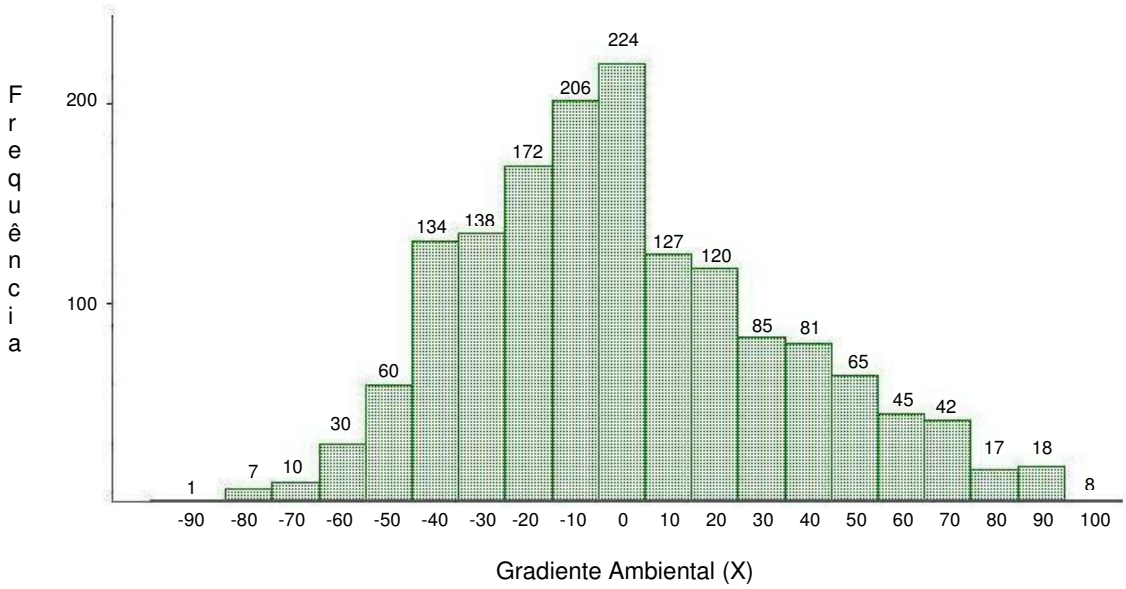


Figura 17 - Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de peso ao sobreano dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg)

Os valores dos níveis que compuseram o gradiente ambiental para peso ao sobreano estenderam-se de -90 a +100 kg, sendo representado pelos desvios das soluções dos grupos contemporâneos em relação à média geral. A média dos desvios foi de 1,58 kg e

foi representada na Figura 17 como sendo zero. A mediana e o desvio-padrão foram de -2,48 e 35,17 kg, respectivamente.

O número de animais dentro dos níveis formados pelos grupos contemporâneos está apresentado na Tabela 40:

Tabela 40 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para peso ao sobreano

Nível do gradiente ambiental (X)	Número de animais
-90	28
-80	258
-70	267
-60	703
-50	1.307
-40	3.811
-30	3.925
-20	4.060
-10	5.669
0	6.840
10	3.788
20	3.754
30	2.295
40	2.476
50	2.211
60	1.550
70	1.580
80	539
90	702
100	269
Total	46.032

As médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade para os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estudados podem ser observados na Tabela 41.

Tabela 41 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica peso ao sobreano

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_x^2$	1.269,47	1.268,65	1.264,81	53,85	1.099,52	1.474,60	1.167,57 a 1.374,84
$\hat{\sigma}_a^2$	203,55	203,86	205,09	9,81	171,84	237,22	184,47 a 223,14
$\hat{\sigma}_b^2$	0,016	0,015	0,015	0,001	0,013	0,019	0,013 a 0,018
$\hat{\sigma}_{a,b}$	1,36	1,36	1,35	0,08	1,11	1,67	1,20 a 1,51
$\hat{\sigma}_p^2$	575,83	575,67	574,91	5,71	556,60	595,19	564,79 a 586,92
$\hat{\sigma}_e^2$	372,28	371,86	370,37	7,45	347,68	405,89	358,66 a 387,76
$\hat{h}_a^2$	0,35	0,35	0,35	0,016	0,25	0,41	0,32 a 0,38
$\hat{r}_{a,b}$	0,76	0,76	0,76	0,034	0,36	0,84	0,70 a 0,81

($\hat{\sigma}_x^2$) = variância de grupo contemporâneo, ($\hat{\sigma}_a^2$) = variância do intercepto da norma de reação, ($\hat{\sigma}_b^2$) = variância da inclinação da norma de reação, ($\hat{\sigma}_{a,b}$) = covariância entre intercepto e inclinação, ($\hat{\sigma}_p^2$) = variância fenotípica, ($\hat{\sigma}_e^2$) = variância residual, ($\hat{h}_a^2$) = coeficientes de herdabilidade direta, ($\hat{r}_{a,b}$) = correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação

As médias, medianas e modas apresentaram valores próximos uns dos outros para todos os componentes de (co)variância, apontando distribuições a *posteriori* que se aproximam da distribuição normal. Os gráficos das densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância estimados para o peso ao sobreano podem ser observados no Apêndice P.

As estimativas dos componentes de variância para intercepto e inclinação das normas de reação, bem como para o efeito dos grupos contemporâneos foram de 203,55, 0,016 e 1.269,47 respectivamente. As estimativas dos componentes de variância residual e fenotípica foram de 372,28 e 575,83, e a razão entre eles foi de 0,65. A estimativa do coeficiente de herdabilidade direta foi de 0,35. Todos estes componentes se apresentaram inferiores aos relatados por Mattar (2009) na raça Canchim. Pégolo (2005) observou estimativa de herdabilidade próxima a esta para peso aos 550 dias em seus estudos de interação genótipo x ambiente via normas de reação em bovinos de corte.

A correlação entre os componentes de variância do intercepto e da inclinação foi de 0,76. Quanto mais próxima da unidade for esta correlação, maior a identificação da interação genótipo x ambiente como sendo do tipo escalar. Neste tipo de interação, animais

de maior valor genético médio são os que mais respondem à melhoria do ambiente (Falconer e Mackay, 1996), permitindo maior incremento na produção em um gradiente ambiental crescente. Mattar (2009) observou correlação de 0,90 entre intercepto e inclinação de normas de reação para peso ao sobreano na raça Canchim. Já Maricle (2008) detectou correlação negativa entre estes componentes para peso ao nascimento, peso aos 205 e aos 365 dias em bovinos Angus.

As médias, desvios padrão e intervalos de credibilidade das estimativas dos coeficientes de herdabilidade obtidas a partir de inferências sobre as distribuições a *posteriori*, para cada ambiente representado no gradiente ambiental estão representadas na Tabela 42.

Tabela 42 – Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas da variância genética aditiva direta e do coeficiente de herdabilidade

Gradiente ambiental	$\hat{\sigma}_a^2$		$\hat{h}_a^2$	
	Média ± DP	IC (95%)	Média ± DP	IC (95%)
-90	86,05 ± 8,38	70,26 a 102,34	0,19 ± 0,02	0,15 a 0,21
-80	86,45 ± 7,73	71,71 a 101,80	0,19 ± 0,02	0,16 a 0,22
-70	90,01 ± 7,34	75,64 a 104,39	0,19 ± 0,01	0,17 a 0,22
-60	96,73 ± 7,20	81,61 a 109,84	0,21 ± 0,01	0,18 a 0,23
-50	106,62 ± 7,25	92,40 a 120,57	0,22 ± 0,01	0,19 a 0,25
-40	119,68 ± 7,47	104,77 a 133,52	0,24 ± 0,01	0,21 a 0,27
-30	135,89 ± 7,84	119,81 a 150,48	0,27 ± 0,01	0,24 a 0,29
-20	155,28 ± 8,36	138,47 a 171,42	0,29 ± 0,01	0,26 a 0,32
-10	177,83 ± 9,01	158,32 a 193,71	0,32 ± 0,02	0,29 a 0,35
0	203,55 ± 9,81	184,47 a 223,14	0,35 ± 0,02	0,32 a 0,38
10	232,43 ± 10,79	210,03 a 252,06	0,38 ± 0,02	0,36 a 0,41
20	264,48 ± 11,94	240,47 a 286,70	0,41 ± 0,02	0,38 a 0,44
30	299,69 ± 13,30	275,30 a 327,33	0,44 ± 0,02	0,42 a 0,47
40	338,07 ± 14,87	310,34 a 367,51	0,47 ± 0,02	0,45 a 0,51
50	379,61 ± 16,65	347,51 a 411,52	0,50 ± 0,02	0,47 a 0,53
60	424,32 ± 18,66	388,75 a 460,71	0,53 ± 0,02	0,50 a 0,56
70	472,19 ± 20,90	432,51 a 513,12	0,56 ±0,02	0,53 a 0,59
80	523,23 ± 23,36	480,44 a 571,09	0,58 ± 0,01	0,55 a 0,61
90	577,43 ± 26,06	530,59 a 632,98	0,61 ± 0,02	0,58 a 0,63
100	634,80 ± 29,98	575,82 a 689,03	0,63 ± 0,01	0,60 a 0,66

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade do peso ao sobreano aumentaram conforme melhorou a qualidade do nível ambiental. Ou seja, a estimativa do coeficiente de herdabilidade foi maior nos ambientes favoráveis e menor nos ambientes desfavoráveis, como está demonstrado na Figura 18. Como visto anteriormente, no peso à

desmama estas também variaram, mas para gradientes de desempenhos muito baixos houve um aumento da herdabilidade.

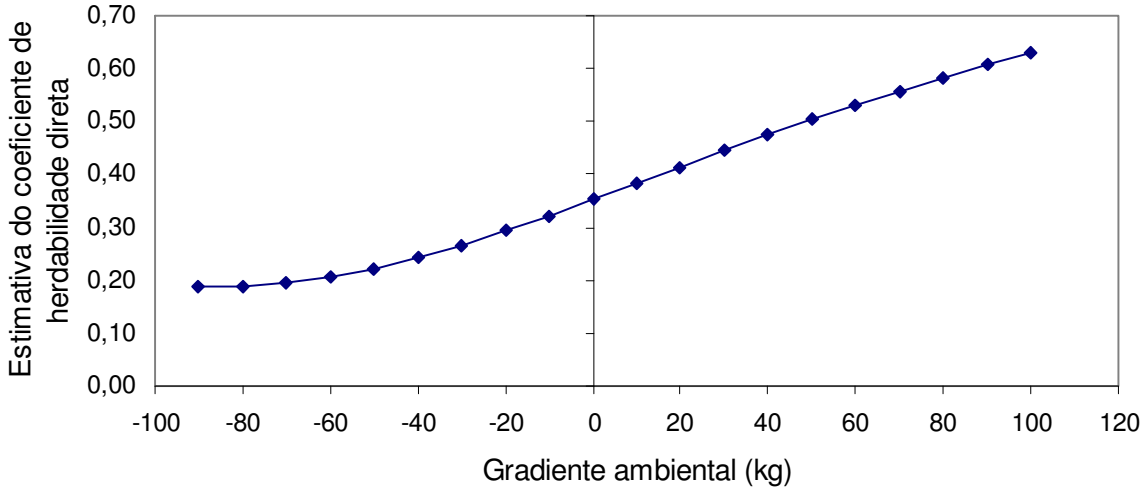


Figura 18 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta para peso ao sobreano no gradiente ambiental

Este tipo de comportamento das herdabilidades é freqüente de acordo com a literatura. Utilizando registros de primeira lactação em fêmeas Guernsey, Fikse et al. (2003) observaram o incremento das estimativas dos coeficientes de herdabilidade e das variâncias genéticas conforme o aumento dos valores dos critérios ambientais estudados. Cardoso et al. (2008) constataram o mesmo comportamento da herdabilidade no gradiente ambiental ao estudar normas de reação para ganho pós-desmama na raça Hereford, assim como Mattar (2009) verificou na raça Canchim.

As normas de reação para o valor genético dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso ao sobreano estão representadas na Figura 19.

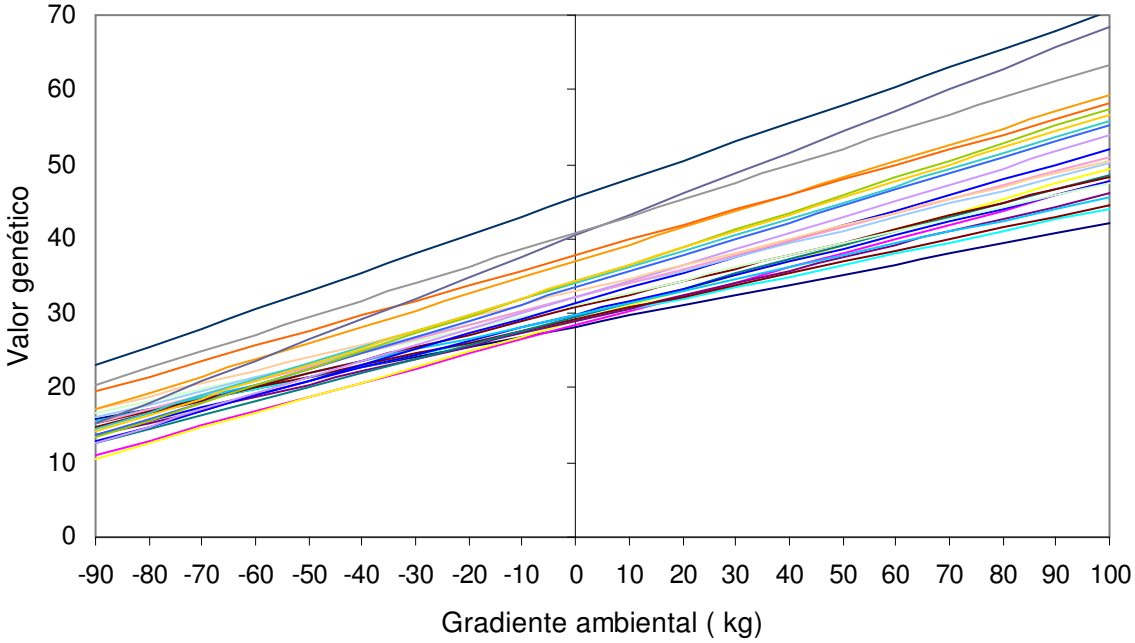


Figura 19 - Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso à desmama

Os valores genéticos dos touros apresentaram maior dispersão nos níveis positivos do gradiente ambiental do que nos níveis mais baixos, o que caracteriza a interação genótipo x ambiente como sendo do tipo escalar.

Os Apêndices Q e R contêm, respectivamente, as distribuições dos valores genéticos para peso ao sobreano de todos os animais do rebanho e também para todos os touros, nos níveis ambientais X=0 (ambiente médio), X=-90 kg (nível ambiental mais baixo) e X=100 kg (nível ambiental mais alto).

Na Figura 20 estão os histogramas coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso ao sobreano.

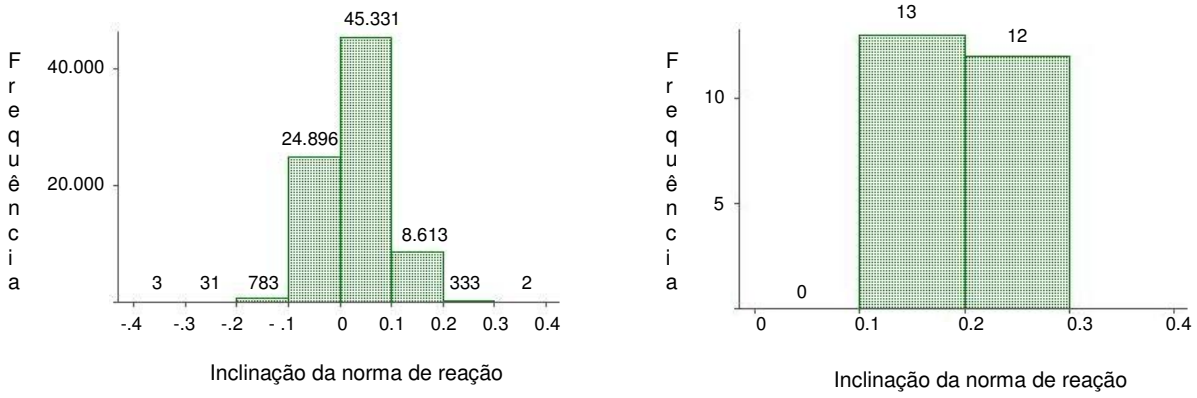


Figura 20 – Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para peso ao sobreano (à direita)

A porcentagem de 88% de todos os animais que faziam parte do rebanho apresentou coeficiente de inclinação das normas de reação para peso ao sobreano entre os valores -0,1 e 0,1. Quando esta classificação foi feita para os 25 melhores touros do rebanho, 100% destes se concentraram entre os coeficientes de 0,1 a 0,3. Assim como ocorreu para o peso à desmama, nenhum dos touros foi classificado entre os coeficicientes de inclinação 0 a 0,1. Os valores dos coeficientes encontrados para peso ao sobreano foram semelhantes aos constatados para o peso à desmama.

Os gráficos de superfície das correlações genéticas no gradiente ambiental estão representados nas Figuras 21 e 22.

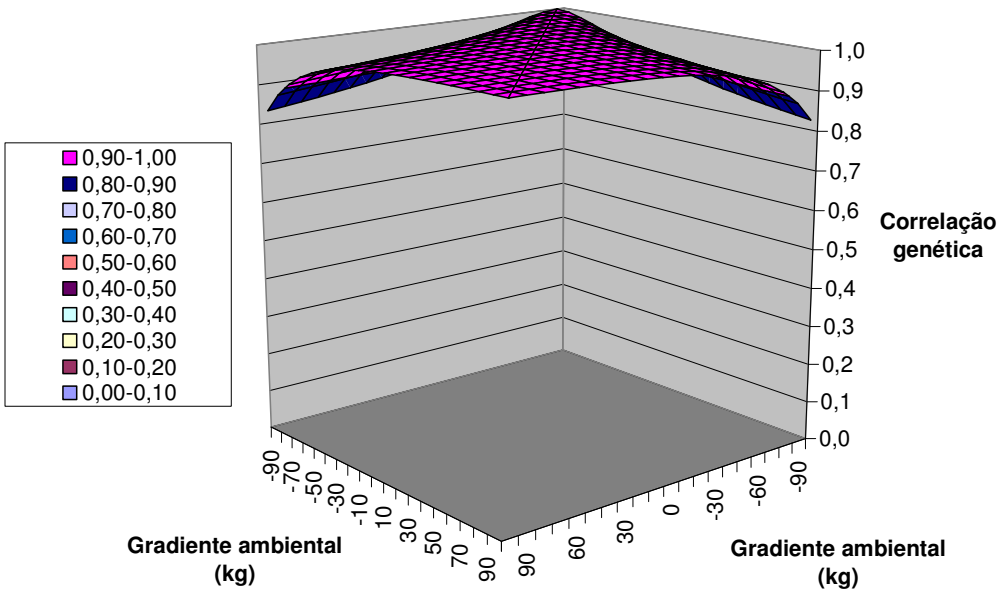


Figura 21 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para peso ao sobreano

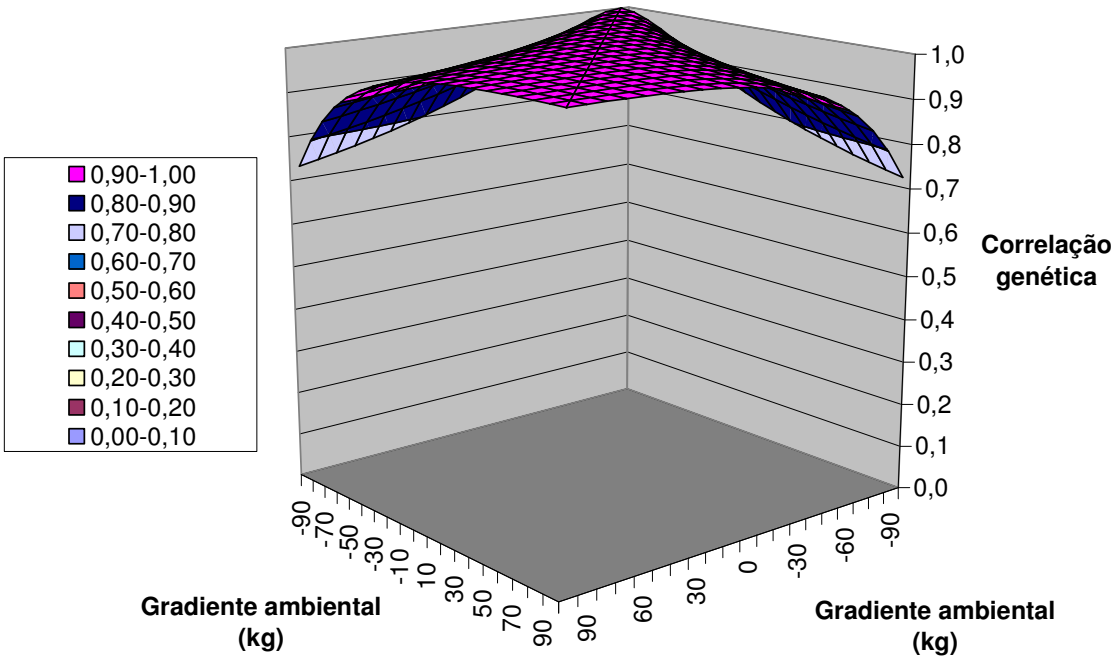


Figura 22 - Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para peso ao sobreano

Não foi detectada nenhuma correlação negativa entre os ambientes. A correlação genética de todos os animais do rebanho no gradiente ambiental variou de 0,83 a 1,00, o que não denotaria uma interação genótipo x ambiente significativa (Robertson, 1959). A correlação entre os valores genéticos dos touros nos ambientes variou de 0,79 a 1,00, denotando um grau de sensibilidade ligeiramente superior dos mesmos frente às mudanças ambientais em comparação aos demais.

C. GANHO DE PESO DA DESMAMA AO SOBREANO

Representado por 1.585 grupos contemporâneos, o gradiente ambiental em que foi realizada a análise para ganho de peso da desmama ao sobreano foi dividido em 15 níveis, como pode ser visto na Figura 23:

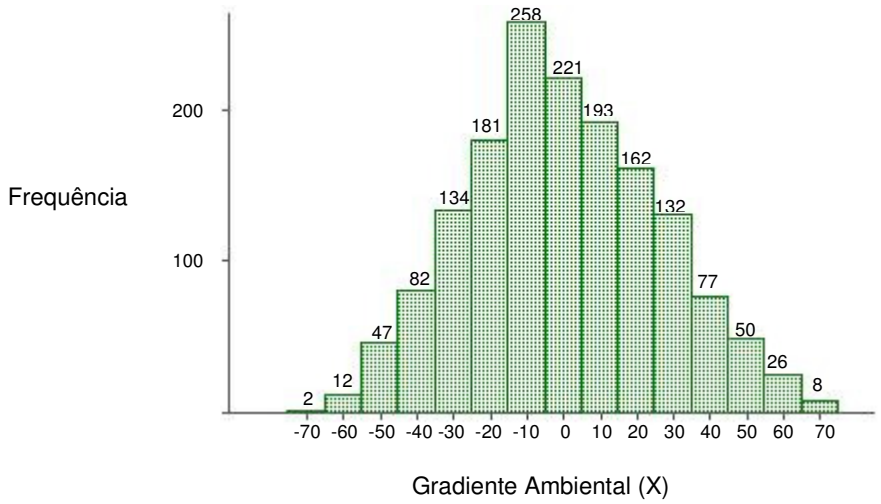


Figura 23 - Gradiente ambiental (X) representado pelos desvios médios de ganho de peso da desmama ao sobreano dos grupos contemporâneos em relação à média geral (em kg)

As soluções dos 1.585 grupos contemporâneos para ganho de peso da desmama ao sobreano estenderam-se de -71 a +76 kg. Estes foram distribuídos em níveis de 10 em 10 kg, conforme seus respectivos desvios. A média dos desvios foi de 0,44 kg, considerada como zero na Figura 23. A mediana e o desvio-padrão foram de -1,63 e 26,31 kg, respectivamente.

O número de animais dentro dos níveis formados pelos grupos contemporâneos está apresentado na Tabela 43:

Tabela 43 - Número de animais dentro de cada nível do gradiente ambiental formado pelos grupos contemporâneos para ganho de peso da desmama ao sobreano

Nível do gradiente ambiental (X)	Número de animais
-70	89
-60	397
-50	1184
-40	2058
-30	3431
-20	5483
-10	7962
0	7067
10	5585
20	4519
30	3144
40	2236
50	1665
60	819
70	205
Total	45.844

A Tabela 44 contém as médias a *posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir das análises das normas de reação para o ganho de peso da desmama ao sobreano:

Tabela 44 – Médias, medianas, modas, desvios-padrão, mínimos, máximos e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir das distribuições a *posteriori* para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano

	Média	Mediana	Moda	DP	Mín	Máx	IC (95%)
$\hat{\sigma}_x^2$	713,47	712,90	715,09	30,45	608,28	850,66	656,21 a 776,16
$\hat{\sigma}_a^2$	73,82	73,70	73,74	4,68	57,27	93,26	64,88 a 83,13
$\hat{\sigma}_b^2$	0,012	0,012	0,012	0,001	0,009	0,018	0,009 a 0,015
$\hat{\sigma}_{a,b}$	0,322	0,324	0,331	0,050	0,154	0,481	0,220 a 0,418
$\hat{\sigma}_p^2$	342,20	342,08	341,39	3,02	332,34	355,57	336,53 a 348,37
$\hat{\sigma}_e^2$	268,38	268,24	267,42	4,03	255,34	285,03	260,65 a 276,52
$\hat{h}_a^2$	0,21	0,21	0,22	0,013	0,17	0,27	0,19 a 0,24
$\hat{r}_{a,b}$	0,34	0,34	0,35	0,05	0,17	0,52	0,23 a 0,43

($\hat{\sigma}_x^2$) = variância de grupo contemporâneo, ($\hat{\sigma}_a^2$) = variância do intercepto da norma de reação, ($\hat{\sigma}_b^2$) = variância da inclinação da norma de reação, ($\hat{\sigma}_{a,b}$) = covariância entre intercepto e inclinação, ($\hat{\sigma}_p^2$) = variância fenotípica, ($\hat{\sigma}_e^2$) = variância residual, ($\hat{h}_a^2$) = coeficientes de herdabilidade direta, ($\hat{r}_{a,b}$) = correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação

Na distribuição a *posteriori* do componente de variância do intercepto da norma de reação, os valores próximos entre média, mediana e moda indicam sua aproximação a de uma distribuição normal. O mesmo ocorreu com todos os outros componentes e parâmetros apresentados na tabela acima. Os gráficos das densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância estimados para o ganho de peso da desmama ao sobreano podem ser observados no Apêndice S.

As estimativas dos componentes de variância para intercepto e inclinação das normas de reação e para o efeito dos grupos contemporâneos foram de 73,82, 0,012 e 713,47 respectivamente. Os componentes de variância residual e fenotípica apresentaram estimativas de 342,20 e 268,38. A relação entre estes dois componentes foi de 0,78, chamando a atenção para a grande parcela da variância fenotípica designada ao resíduo.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade direta foi de 0,21. Cardoso et al. (2007) observaram estimativa de herdabilidade de 0,29 ao estudarem normas de reação no ganho pós-desmama em uma população de bovinos Angus. Também por meio de normas de reação, Corrêa et al. (2009) verificaram herdabilidades variando de 0,29 a 0,70 no ganho pós desmama na raça Devon, enquanto Cardoso et al. (2008) observaram a estimativa de 0,38 para o coeficiente de herdabilidade na raça Hereford.

A correlação genética entre o intercepto e a inclinação das normas de reação foi de 0,34. Su et al. (2006) afirmaram que correlações entre intercepto e inclinação que não são próximas da unidade seriam indicadoras da reclassificação dos valores genéticos entre os ambientes.

Na Tabela 45 estão as médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade das estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas em todos os níveis do gradiente ambiental.

Tabela 45 – Médias, desvios-padrão e intervalos de credibilidade (de 95% de probabilidade) das estimativas da variância genética aditiva direta e do coeficiente de herdabilidade para o ganho de peso da desmama ao sobreano

Gradiente ambiental	$\hat{\sigma}_a^2$		$\hat{h}_a^2$	
	Média ± DP	IC (95%)	Média ± DP	IC (95%)
-70	90,07 ± 9,72	73,02 a 110,08	0,25 ± 0,02	0,21 a 0,29
-60	80,24 ± 8,21	65,78 a 96,97	0,23 ± 0,02	0,19 a 0,27
-50	72,92 ± 7,00	60,36 a 86,88	0,21 ± 0,02	0,18 a 0,25
-40	68,09 ± 6,09	57,49 a 80,88	0,20 ± 0,02	0,17 a 0,23
-30	65,77 ± 5,42	55,82 a 77,12	0,20 ± 0,02	0,17 a 0,22
-20	65,95 ± 4,98	56,49 a 76,21	0,20 ± 0,01	0,17 a 0,22
-10	68,63 ± 4,73	59,43 a 77,91	0,20 ± 0,01	0,18 a 0,23
0	73,82 ± 4,68	65,24 a 83,40	0,21 ± 0,01	0,19 a 0,24
10	81,50 ± 4,86	71,98 a 91,29	0,23 ± 0,01	0,21 a 0,26
20	91,69 ± 5,33	81,24 a 102,50	0,25 ± 0,01	0,18 a 0,23
30	104,38 ± 6,14	92,22 a 116,71	0,28 ± 0,01	0,25 a 0,31
40	119,57 ± 7,30	104,11 a 133,32	0,31 ± 0,02	0,28 a 0,34
50	137,26 ± 8,81	119,03 a 154,38	0,34 ± 0,02	0,31 a 0,37
60	157,46 ± 10,67	134,96 a 177,80	0,37 ± 0,02	0,33 a 0,40
70	180,15 ± 12,86	153,38 a 205,12	0,40 ± 0,02	0,36 a 0,44

As estimativas dos componentes das variâncias genéticas aditivas foram maiores nos extremos do gradiente ambiental, como também verificado por Pégolo et al. (2009). Esta tendência se refletiu nas estimações das herdabilidades nos níveis do gradiente ambiental. A Figura 24 contém a representação gráfica das estimativas do coeficiente de herdabilidade distribuídas no gradiente ambiental.

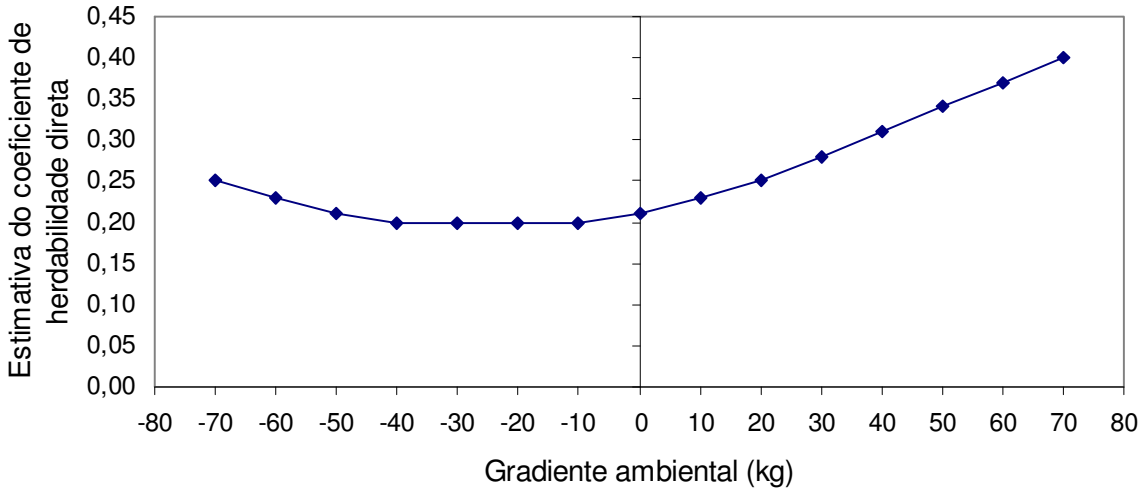


Figura 24 - Curva das estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta no gradiente ambiental para ganho de peso da desmama ao sobreano

No nível ambiental mais alto a curva atingiu seu ponto máximo de 0,4, decrescendo até atingir seu ponto mínimo, de 0,2 no nível ambiental X = -10 kg. Este valor

permaneceu constante nos níveis X = -20, -30 e -40 kg. A partir deste ponto, as estimativas da herdabilidade voltaram a subir, atingindo 0,25 no nível ambiental mais baixo X = -70 kg. Assim como para o peso à desmama, este resultado pode ser consequência da utilização de um modelo que não considera a heterogeneidade das variâncias residuais no gradiente ambiental.

A curva das herdabilidades para o ganho de peso teve comportamento semelhante à curva parabólica das estimativas de herdabilidades para o peso à desmama, com a diferença que, no ganho de peso, a parábola se apresentou mais aberta em comparação à primeira. Considerando-se que o cálculo do ganho de peso é feito com base na diferença entre os pesos ao sobreano e à desmama, acredita-se que a curva da Figura 24 representa o equilíbrio entre as curvas das herdabilidades do peso à desmama (parabólica) e a do peso ao sobreano (ligeiramente sigmóide).

Foram selecionados os 25 touros melhores classificados no *ranking* do ganho de peso da desmama ao sobreano. Na Figura 25 encontram-se as normas de reação para estes animais:

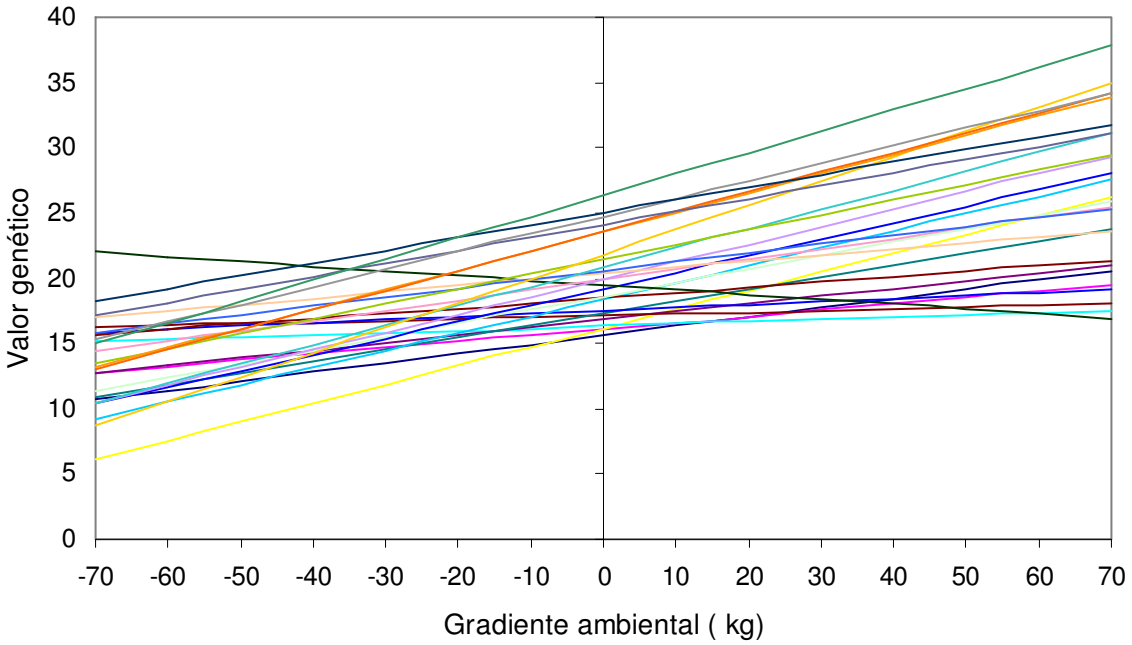


Figura 25 - Normas de reação dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para ganho de peso da desmama ao sobreano

Na Figura 25, apenas um touro apresentou norma de reação descendente, ou seja, com coeficiente de inclinação negativo. Este animal ficou na 14ª colocação com base no valor genético estimado no nível médio do gradiente ambiental. Quando no nível ambiental X = -70 kg, o touro passou a ser o primeiro classificado no *ranking*. Já no nível ambiental X =

70 kg, sua classificação caiu para o último lugar. Este mesmo fato aconteceu para as normas de reação do peso à desmama, ou seja, um dos touros apresentou norma de reação descendente. No entanto, constatou-se que eram animais distintos.

Vários pontos de intersecção podem ser observados no gráfico, apontando para a reordenação dos touros no *ranking* para a característica.

Os Apêndices T e U contêm, respectivamente, as distribuições dos valores genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano de todos os animais do rebanho e também para todos os touros, nos níveis ambientais X=0 (ambiente médio), X=-70 kg (nível ambiental mais baixo) e X=70 kg (nível ambiental mais alto).

As frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação para todos os animais e também dos touros estão representadas na Figura 26:

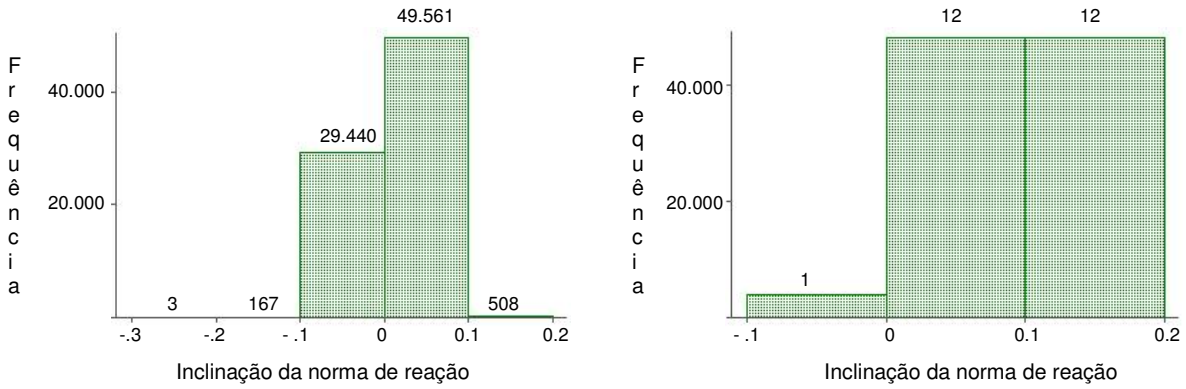


Figura 26 - Frequências dos coeficientes de inclinação das normas de reação de todos os animais do rebanho (à esquerda) e dos 25 touros melhores colocados no *ranking* para ganho de peso da desmama ao sobreano (à direita)

Ficaram entre os coeficientes de inclinação -0,1 a 0,1 a porcentagem de 99% de todos os animais do rebanho. Esta distribuição foi similar ao que aconteceu nas duas características anteriores, ou seja, com a grande maioria se concentrando entre -0,1 e 0,1. No caso dos touros, praticamente 100% dos animais se concentraram entre os coeficientes de 0 a 0,2. Foi notório que os touros selecionados para ganho de peso apresentaram maior robustez frente às adversidades ambientais do que aqueles selecionados para as características anteriores. Notou-se também que, de todos os touros selecionados para peso ao sobreano, 56% deles também foram selecionados para ganho de peso da desmama ao sobreano. Dentro destes 56%, todos os coeficientes de inclinação para ganho de peso foram menores que seus respectivos coeficientes para peso ao sobreano. Ou seja, a seleção de genótipos plásticos para peso ao sobreano pode ter selecionado,

indiretamente, genótipos robustos para o ganho de peso. Pégolo (2005) sugeriu aliar a seleção para robustez à tradicional seleção para a mudança da média da população em uma dada característica. Esta alternativa é recomendável, desde que se leve em conta a possível correlação entre sensibilidades de diferentes características, já que a seleção para robustez em uma variável pode aumentar a plasticidade na outra. Calus e Veerkamp (2003) investigaram o impacto da seleção em características de produção de leite correlacionadas (e, supostamente, com diferentes sensibilidades ambientais) por meio de um índice econômico. Os autores observaram sensibilidades da mesma magnitude entre as características, com pequeno impacto sobre a reclassificação dos animais baseada no índice econômico. No entanto, estes autores alertam para os efeitos de escala das características combinadas, que se forem diferentes, podem causar alterações no *ranking* baseado no índice econômico.

Os gráficos de superfície das correlações genéticas no gradiente ambiental estão representados nas Figuras 27 e 28:

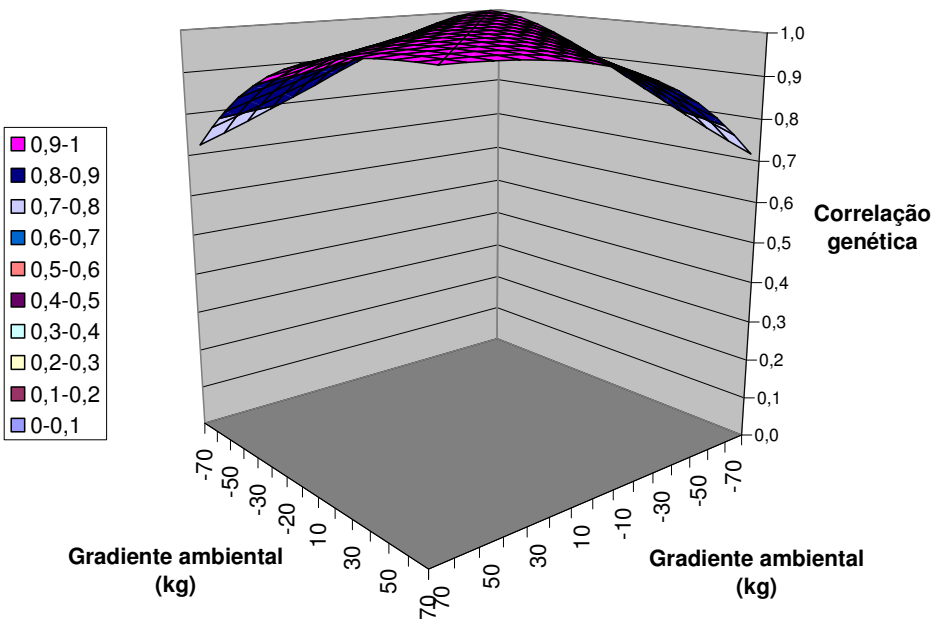


Figura 27 - Correlação genética de todos os animais do rebanho nos níveis do gradiente ambiental, para ganho de peso da desmama ao sobreano

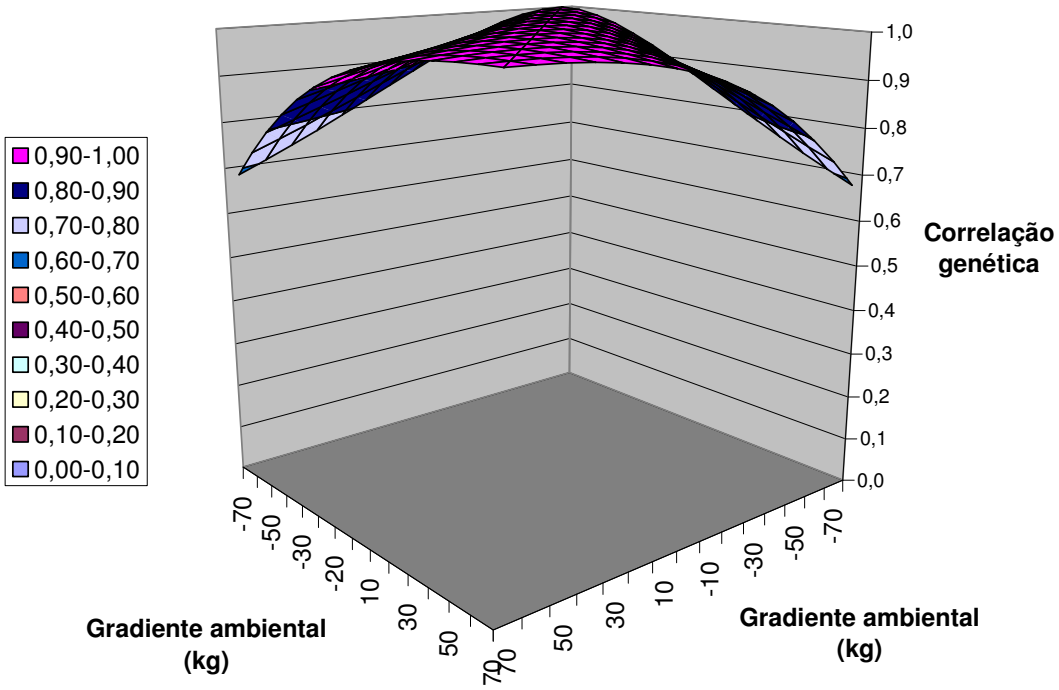


Figura 28 - Correlação genética dos touros nos níveis do gradiente ambiental, para ganho de peso da desmama ao sobreano

Foi pequena a diferença entre as amplitudes das correlações genéticas entre touros e todos os animais do rebanho. Para todos os animais do rebanho, a correlação genética entre os níveis ambientais variou de 0,72 a 0,99, o que seria indicativo da presença de interação genótipo x ambiente. Entre os touros, esta correlação teve amplitude de 0,68 a 0,99. Analogamente ao que aconteceu com o peso à desmama e o peso ao sobreano, os touros apresentaram grau de sensibilidade ligeiramente superior aos demais frente às alterações ambientais. Ou seja, foram mais responsivos às diferenças entre os níveis. Alguns autores, no entanto, observaram baixas correlações entre ambientes. Corrêa et al. (2009) observaram correlações genéticas negativas entre os níveis do gradiente ambiental para ganho pós desmama.

5 CONCLUSÕES

O estudo da interação genótipo ambiente, tanto por meio de correlações genéticas da mesma característica em diferentes rebanhos quanto por normas de reação, detectou a influência da mesma sobre as características avaliadas.

Quando foi utilizado o método de correlações genéticas entre os desempenhos nos três rebanhos, o peso à desmama não apresentou indícios de interação genótipo x ambiente, ao contrário do que foi verificado para peso ao sobreano e ganho de peso.

Nas análises utilizando normas de reação, o peso à desmama foi a característica que mais sofreu influência da interação genótipo x ambiente, seguida pelo ganho de peso da desmama ao sobreano. Os resultados para peso ao sobreano não apresentaram indícios da presença maciça da interação genótipo x ambiente, indicando que o efeito da mesma sobre a característica foi de natureza escalar.

As constatações distintas entre os dois métodos estudados pode ser resultado daquilo que se considerou como ‘ambiente’ nas análises. Ou seja, o primeiro método utilizou ambientes mais abrangentes (rebanhos), enquanto o segundo envolveu ambientes mais minuciosos (grupos contemporâneos). Assim, os resultados para a detecção de interação genótipo x ambiente poderão diferir entre os métodos.

6 IMPLICAÇÕES

Sob o ponto de vista das pesquisas envolvendo interação genótipo x ambiente, a avaliação do rebanho como um todo pode, em certos casos, ‘mascarar’ o que aconteceria particularmente com os indivíduos de nosso interesse. Os estudos de interação genótipo x ambiente nem sempre incluem análises específicas para os reprodutores, levando a resultados inconclusivos e que nem sempre correspondem à realidade.

Uma vez que os programas de avaliação genética buscam identificar os melhores reprodutores para então certificá-los como ‘animais melhoradores’, faz-se necessário a levar em consideração a influência da interação genótipo x ambiente sobre as características de interesse. Mas, a questão que fica ainda é “Como selecionar os melhores animais para uma característica se eles desenvolvem desempenhos individuais para cada ambiente”? Este estudo demonstrou que parte deste comportamento do fenótipo frente às alterações ambientais se deve ao componente genético de sensibilidade do animal. Espera-se que os programas de avaliação genética façam melhor uso deste componente por meio da sua incorporação nos métodos de avaliação genética, o que poderia melhorar a eficiência da seleção.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.2, p.238-246. 2008.

BALBÉ, D.D.; RORATO, P.R.N.; ANDREAZZA, J. et al.. Tendências genética e fenotípica para ganho de peso médio diário entre a desmama e o sobreano em uma população Angus x Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, n.1, p.225-232. 2007.

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

BALIEIRO, J.C.C.; LOPES, P.S.; ELER, J.P. et al. Efeito da heterogeneidade da variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: II. Análises de bi-características para ganho de peso da desmama ao sobreano. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. CD-ROM.

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

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p. 596-601. 2008.

BOLZE, R.P. Matching beef cattle genotype to environment: Part I. **Veterinary Medicine**, v.93, n.2, p.180-189, 1998.

CALUS M.P.L.; GROEN A.F.; DE JONG G.; Genotype × environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. **Journal Dairy Science**, v.85, p.3115–3123. 2002.

CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Estimation of Environmental Sensitivity of Genetic Merit for Milk Production Traits Using a Random Regression Model. **Journal Dairy Science,** v.86, p.3756–3764. 2003.

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

CAMPELO, J.E.G.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al.. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.6, p.685-693. 2003

CARABAÑO, M. J.; MORENO, A.; LÓPEZ-ROMERO, P. et al.. Comparing alternative definitions of the contemporary group effect in Avileña Negra Ibérica beef cattle using classical and Bayesian criteria. **Journal Animal Science,** v.82, p. 3447-3457. 2004.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Embrapa Pecuária Sul. Bagé, 2007, p.45.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELINO, R.A.; Caracterização de interação genótipo x ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD-ROM.

CARDOSO, F. F.; OLIVEIRA, M. M.; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44, 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. CD-ROM.

CARDOSO, F. F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008. CD-ROM.

CARNEIRO, A.P.S; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. et al.. Erros na classificação de touros, vacas e touros jovens geneticamente superiores avaliados na presença de heterogeneidade. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.35, n.5, p.1907-1914. 2006.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S. et al.. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, suppl.0, p.1680-1688. 2002.

CORRÊA, M.B.B. DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-demama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.38, n.8, p.1468-1477. 2009.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** 2 ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1997. 390 p.

DARNELL, R.E.; HEARNSHAW, H.; BARLOW, R. Growth and carcass characteristics of crossbred and straightbred Hereford steers. III. Post-weaning growth in seven environments in New South Wales. **Australian Journal Agricultural Research**, v.38, n.5, p.941-955. 1987.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **The American Naturalist**, v.145, p.493-512, 1995.

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

DE LIRA, T; ROSA, E.M.; GARNERO, A.V. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). **Ciência Animal Brasileira**, v.9, n.1, p.1-22. 2008.

DIAZ, I.D.P.S; ARAÚJO NETO, F.R.A.; OLIVEIRA, H.N. Interação genótipo-ambiente para peso ao sobreano em cinco estados brasileiros utilizando Inferência Bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46, 2009, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009. CD-ROM.

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

DODENHOFF, J.; VAN VLECK, L.D.; WILSON, D.E. Comparison of Models to Estimate Genetic Effects for Weaning Weight of Angus Cattle. **Journal Animal Science**, v.77, p.3176–3184. 1999.

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.

DUANGJINDA, M.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. et al.. The empirical bias of estimates by Restricted Maximum Likelihood, Bayesian method, and Method $\Re$ under selection fo additive, maternal, and dominance models. **Journal of Animal Science**, v.79, p. 2991-2996. 2001.

ELER, J.P; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S. et al.. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253–3258. 1995.

ELER, J.P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal.** Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 1999.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L. et al.. Influência da interação touro x rebanho na estimação 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.

EYNUM, S.; FLEMING, I.A. Maternal effects of egg size in brown trout (Salmo trutta): norms of reaction to environmental quality. **Proceedings of the Royal Society**, v.266, p.2095-2100. 1999.

ESPASANDIN, A.C.; ALENCAR, M.M.; URIOSTE, J.I. 2005. Algumas implicações da interação genótipo x país nos resultados das avaliações genéticas da raça Angus do Brasil e do Uruguai. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD-ROM.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et al. Efeitos da interação genótipo-ambiente na avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa usando métodos bayesianos via amostrador de gibbs. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. CD-ROM.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et al.. Utilização dos métodos REML e Bayesiano via Amostrador de Gibbs na estimação de componentes de variância da produção de leite de rebanhos bovinos da raça holandesa do estado de Minas Gerais. In:

REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005a. CD-ROM.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et al.. Aplicação dos procedimentos REML e Bayesiano via Amostrador de Gibbs na estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos da produção de leite de rebanhos bovinos da raça holandesa do estado de São Paulo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005b. CD-ROM.

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

FALCONER, D.S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. **Genetical Research**, v.56, p.57-70, 1990.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman Group, 1996.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al.. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós –desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.635-640. 2002

FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. et al.. 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.

FIKSE, W.F.; REKAYA, R.; WEIGEL, K.A. Assessment of environmental descriptors for studying genotype by environment interaction. **Livestock Production Science**, v.82, n. 2-3, p.223-231. 2003.

FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, 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.

FRIDRICH, A.B. I**nteração genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos nelore.** 2007. 53f. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2007.

FUTUYAMA, D.J. **Biologia Evolutiva**. Ribeirão Preto: FUNPEC Editora, 2009. p.39-41.

GIANLOURENÇO, V.K.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B. et al.. Herdabilidades e correlações genéticas de características de machos e fêmeas, em um rebanho bovino da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v..32, n.6, supl.1. 2003.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genetics, Selection, Evolution**, v.15, p.201-224. 1983.

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

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Reviews**., v.22, n.2, p.195-213. 1947.

HENDERSON, C.R. 1984. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph: Guelph, Canada. 1984.

HOLANDA, M.C.R; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C. et al.. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zoothecnia**, v.53, p.185-194. 2004.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, p.429-450.1989.

KIRKPATRICK, M.; BATAILLON, T. Artificial selection on phenotypically plastic traits. **Genetic Research,** v.74, 265.270. 1999.

KNACKFUSS, F.B.; RAZOOK, A.G.; MERCADANTE et al.. Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir. 2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.726-732, 2006.

KOLMOLDIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. 2003. 35 f. Tese (Doutorado). Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, 2003.

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

KOLMOLDIN, R.; BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modeled as a linear reaction norm. **Genetics Selection Evolution**, v.36, p.435-454. 2004.

LYNCH, M.; WALSH, J.B. **Genetics and analysis of quantitative traits.** Sunderland: Sinauer Associates Inc. Publishers, 1998.

LEE, D.H.; BERTRAND, J.K. Investigation of genotype x country interactions for growth traits in beef cattle. **Journal Animal Science***,* v.80, n.2, p.330-337. 2002.

LOPES, J.S. RORATO, P.R.N. WÉBER, T. et al.. 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 Zootencia**, v.37, n.1, p.54-60. 2008.

LUO, M.F.; BOETCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R. et al. Bayesian Inference for categorical traits whit an application to variance component estimation. **Journal od Dairy Science**, v.84, p.694-704. 2001.

LUSH, J.L. **Animal Breeding Plans**. Iowa State College Press: Ames. 1945.

MAGNABOSCO, C.U.; FARIA, C.U. BORJAS, A.R. et al.. **Implementação da Amostragem de Gibbs para a estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore.** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados. 50p. 2001.

MARCONDES, C.R.; BERGMANN, J.A.G.; ELER, J.P. et al.. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n.1. 2000.

MARICLE, E.A. **Genotype by environment interaction estimated by using reaction norms in cattle**. 2008. 49 f. Tese (Doutorado) University of Missouri, Columbia, 2008.

MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R.; ALENCAR, M.M. et al.. Uso da análise Bayesiana no estudo da interação genótipo x ambiente de características de peso de bovinos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36, 2000, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2000. CD-ROM.

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. et al.. 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.

MATTAR, M. **Interação genótipo x ambiente para peso ao sobreano na raça Canchim**. 2009. 90f. Tese (Doutorado). Universidade Estadual Paulista, 2009.

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

MEINERT, T.R.; PEARSON, R.E.; VINSON, W.E. et al. Prediction of daughter's performance from dam's cow index adjusted for within-herd variance. **Journal of Dairy Science***,* v.71, p.2220-2231. 1988.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179–204. 1992.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science***,* v.47, p.185-200. 1997.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al.. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS OF GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France. **Proceedings**… Montpellier: 2002. CD-ROM

NEPHAWE, K.A.; NESER, F.W.C.; ROUX, C.Z. et al.. Sire x ecological region interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal Animal Science**, v.29, n.3, p.189-201. 1999.

NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; WYK, J.B. Quantifying herd-year-season x sire interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal Animal Science**, v. 28, n. 3-4, p.167-172. 1998.

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al.. Genetic evaluation of growth in Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p. 927 – 932. 2003.

NOTTER, D.R.; TIER, B.; MEYER, K. Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 70, n. 8, p. 2359-2365. 1992.

NUÑEZ-DOMINGUEZ, R.; VAN VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Prediction of genetic values of sires for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal model with heterogeneous variances. **Journal Animal Science**, v.73, p.2940-2950. 1995.

NUNN, T.R.; KRESS, D.D.; BURFENING, P.J. et al.. Region by sire interaction for reproduction traits in beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 46, n. 4, p.957-964. 1978.

PÉGOLO, N.T. **Interação genótipo-ambiente e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 71 f. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2005.

PÉGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. et al.. 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.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.6, p.720-727. 2001

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 12 ed. São Paulo: Nobel, 1990. 467p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: **A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2008. URL http://www.R-project.org.

RAFTERY, A. E., LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v.7, p. 493–497, 1992

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

RIBEIRO, S.; ELER, J.P.; BALIEIRO, J.C.C. et al. Influência da interação genótipo x ambiente sobre o peso à desmama em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.61, n.3, p.668-675. 2009.

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

ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic Parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science,** v.45, p.1-11. 1996.

SARMENTO, J.L.R.; PIMENTA FILHO, E.C.; RIBEIRO, M.N. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso médio diário de bovinos nelore no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia***,* v.32, p.325-330, 2003.

SAS. **Statistical analysis systems user's guide**: Version 9.0. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., 2002.

SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.G. Animal x testing environment interaction on postweaning liveweight gains of young bulls. **Australian Journal Agricultural Research**, v.49, n.4, p.607-612. 1998.

SILVA, J.A.II V.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. et al. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v..32, n.3. 2003.

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

SIMONELLI, S.M.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. et al.. Interação genótipo x ambiente para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. CD-ROM.

SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.0.0 User's Manual.** Iowa: University of Iowa, 2007.

SORENSEN, D.A.; ANDERSON, S.; GIANOLA, D. et al.. Bayesian Inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.27, n.229. 1995.

SORENSEN, D. A.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag New York, Inc. 2002. 740 p.

SOUZA, J.C.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al.. Effect of genotype x environment interaction on weaning weight of nellore calves raised in four different regions of Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998. Armidale, Austrália. **Proceedings…** 1998. CD-ROM.

SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al.. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651- 1657. 2006.

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

TESS, M.W.; JESKE, K.E.; DILLARD, E.U. et al.. Sire x environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal 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 em bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455. 2004.

TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagem freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53. 2007.

TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N. et al.. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059. 2000.

VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C. et al.. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil**. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.2, p.389-400. 2008.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-Trait Gibss-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.

VAN VLECK, L.D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. **Journal of Dairy Science***,* v.70, p.337-344, 1987.

VOSTRÝ, L.; PRIBYL, J.; JAKUBEC, V. et al.. Selection of a suitable definition of environment for the estimation of genotype × environment interaction in the weaning weight of beef cattle. **Czech Journal Animal Science*,*** v.53, n.10, p. 407–417. 2008

WELLER, J.I.; MISZTAL, I.; GIANOLA, D. Genetic analysis of dystocia and calf mortality in Israeli-Holsteins by threshold and linear models. **Journal of Dairy Science**, v.71, 2491-2501. 1988.

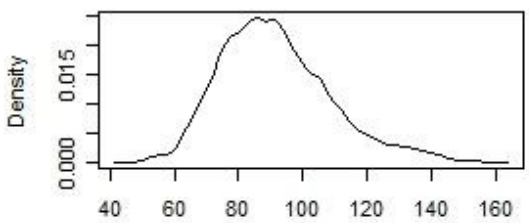
YOKOO, M.J.I.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B. et al.. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p. 1761-1768. 2007.

APÊNDICES

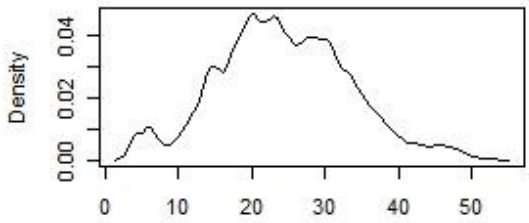
APÊNDICE A

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso à desmama via análises uni-características

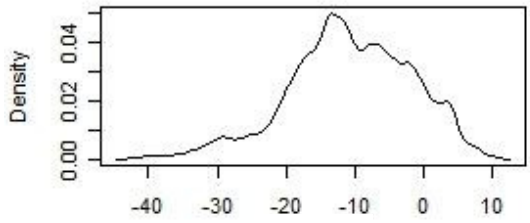
A) Análise uni-característica para peso à desmama no rebanho R1



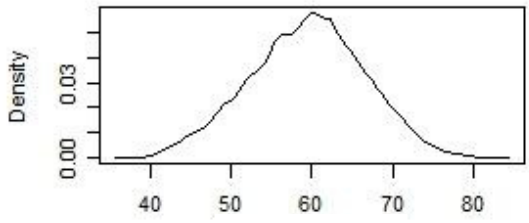
$\hat{\sigma}^2_a$



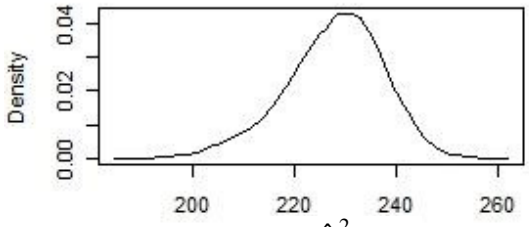
$\hat{\sigma}^2_m$



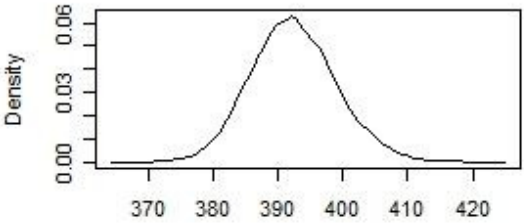
$\hat{\sigma}_{a,m}$



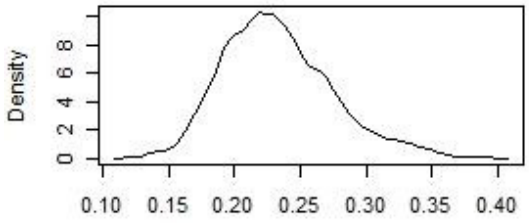
$\hat{\sigma}^2_{pe}$



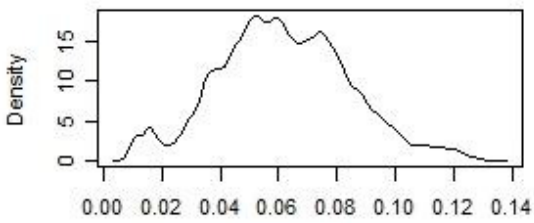
$\hat{\sigma}^2_e$



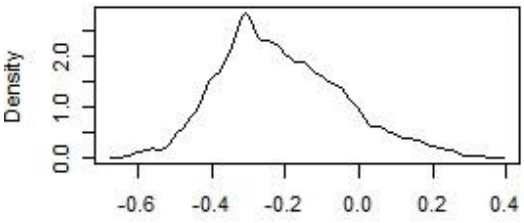
$\hat{\sigma}^2_p$



$\hat{h}_a^2$

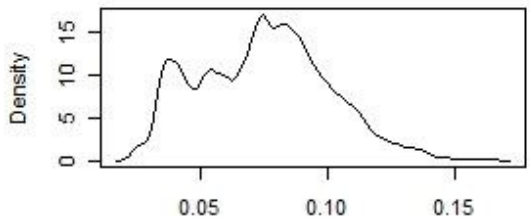


$\hat{h}_m^2$

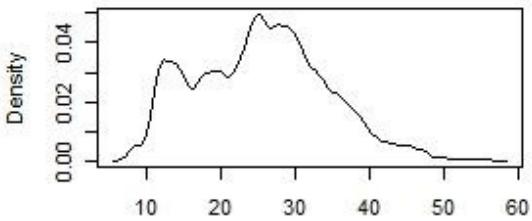


$\hat{r}_{a,m}$

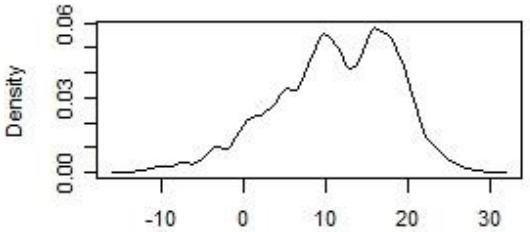
B) Análise uni-característica para peso à desmama no rebanho R2



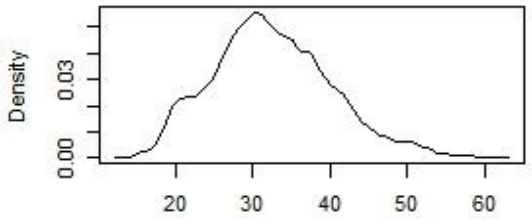
$\hat{\sigma}^2{}_a$



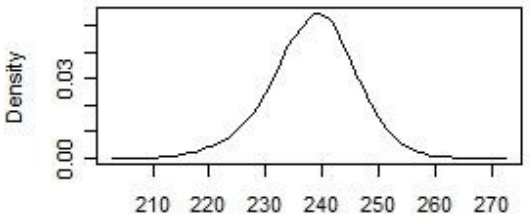
$\hat{\sigma}^2{}_m$



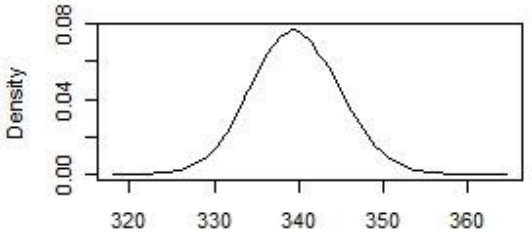
$\hat{\sigma}_{a,m}$



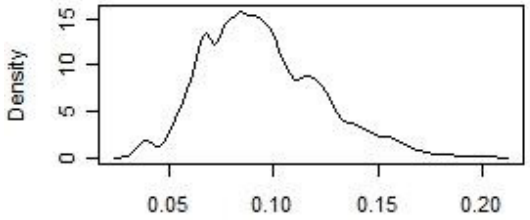
$\hat{\sigma}^2{}_{pe}$



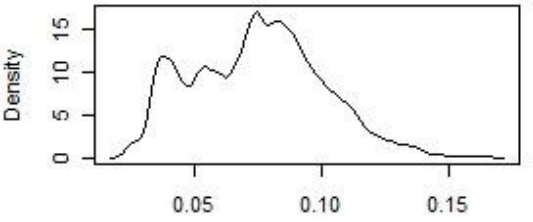
$\hat{\sigma}^2{}_e$



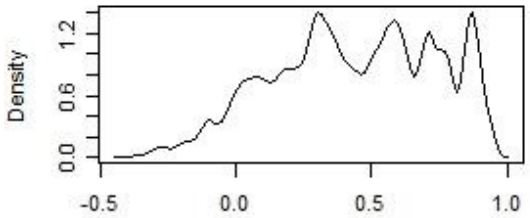
$\hat{\sigma}^2{}_p$



$\hat{h}_a{}^2$

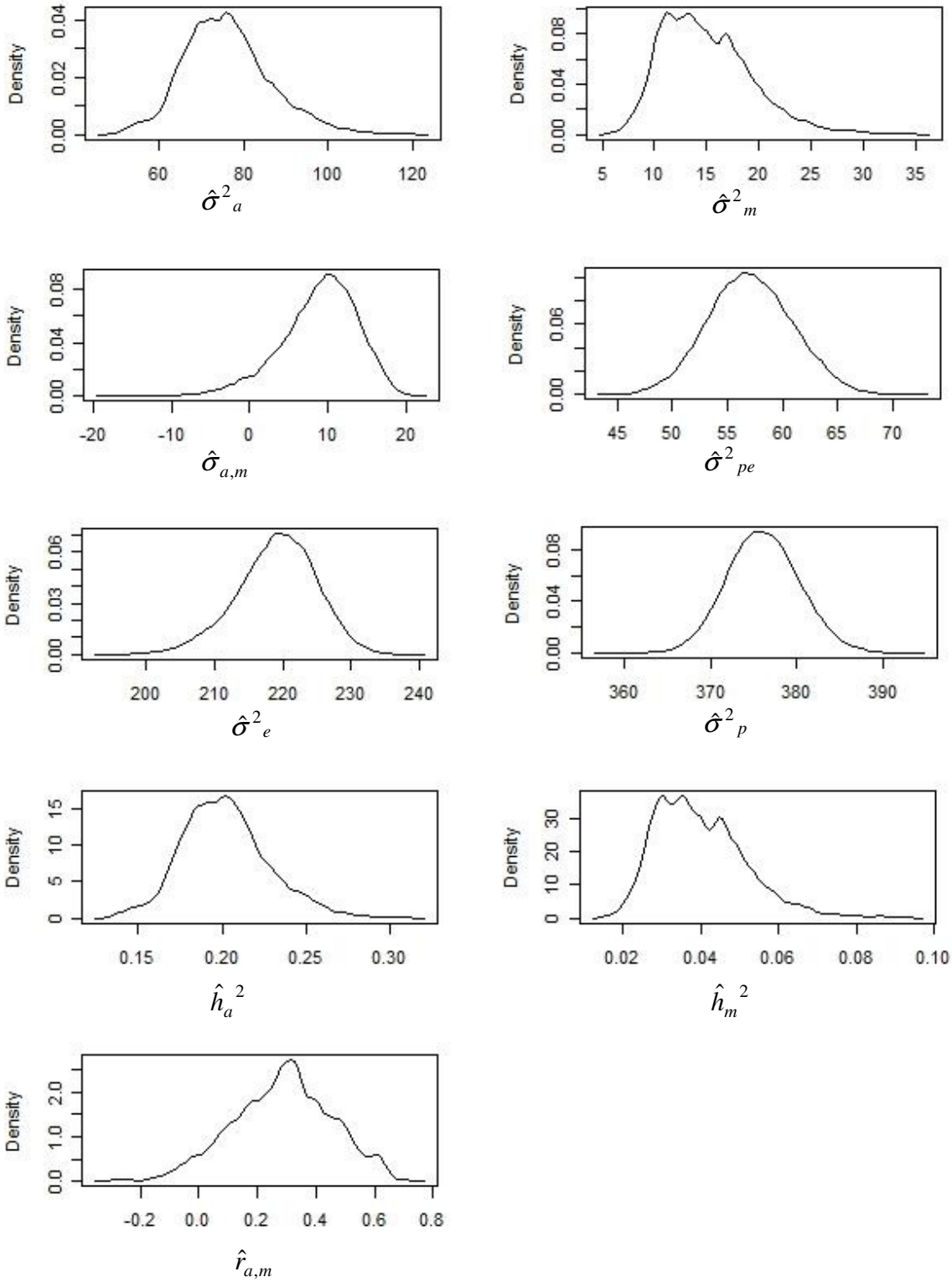


$\hat{h}_m{}^2$

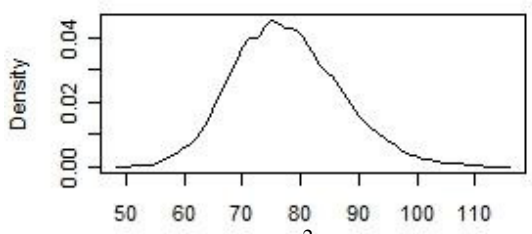


$\hat{r}_{a,m}$

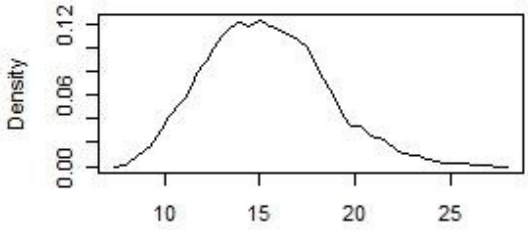
C) Análise uni-característica para peso à desmama no rebanho R3



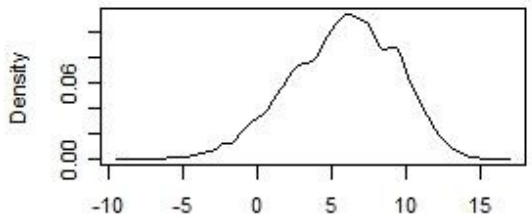
D) Análise uni-característica para peso à desmama no conjunto de rebanhos R1+R2+R3



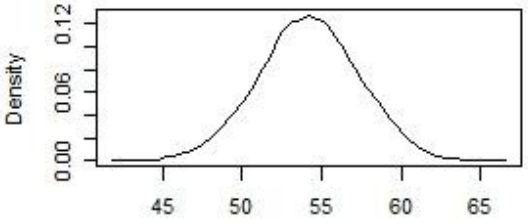
$\hat{\sigma}^2_a$



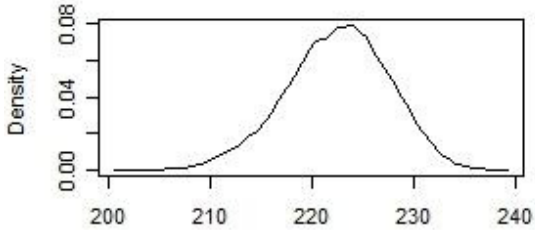
$\hat{\sigma}^2_m$



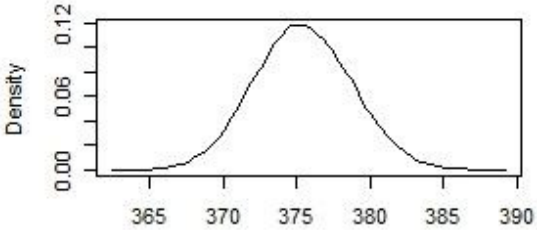
$\hat{\sigma}_{a,m}$



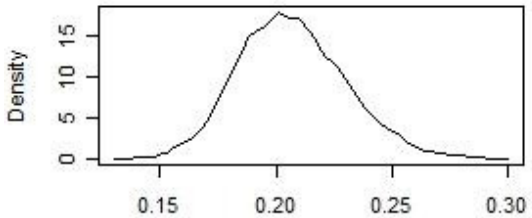
$\hat{\sigma}^2_{pe}$



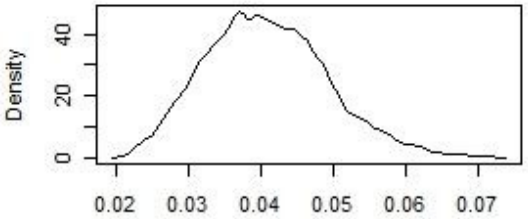
$\hat{\sigma}^2_e$



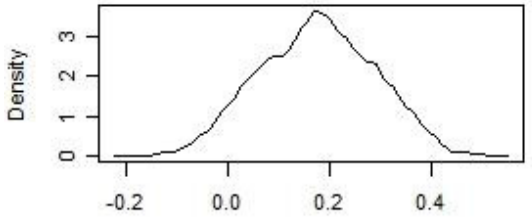
$\hat{\sigma}^2_p$



$\hat{h}_a^2$



$\hat{h}_m^2$

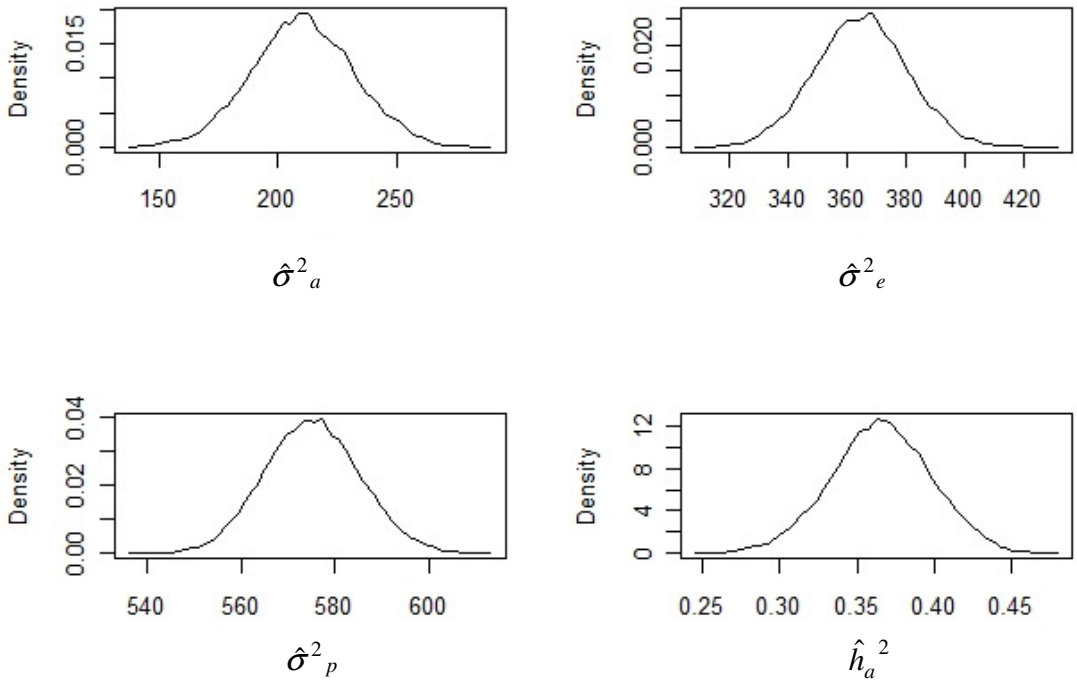


$\hat{r}_{a,m}$

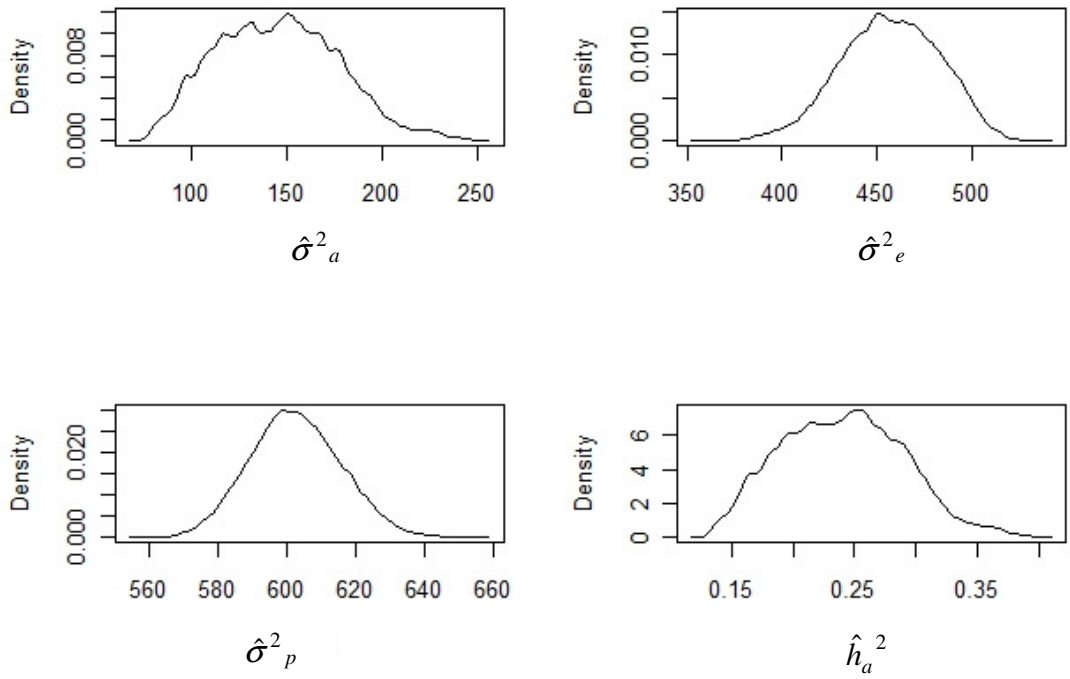
APÊNDICE B

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso ao sobreano via análises uni-características

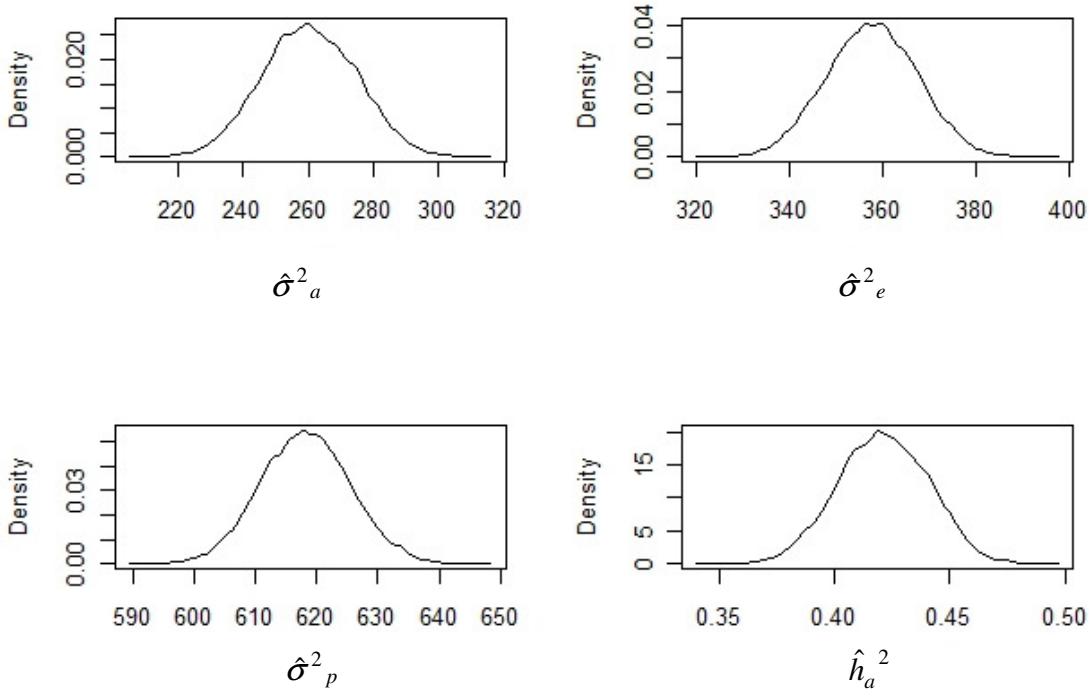
A) Análise uni-característica para peso ao sobreano no rebanho R1



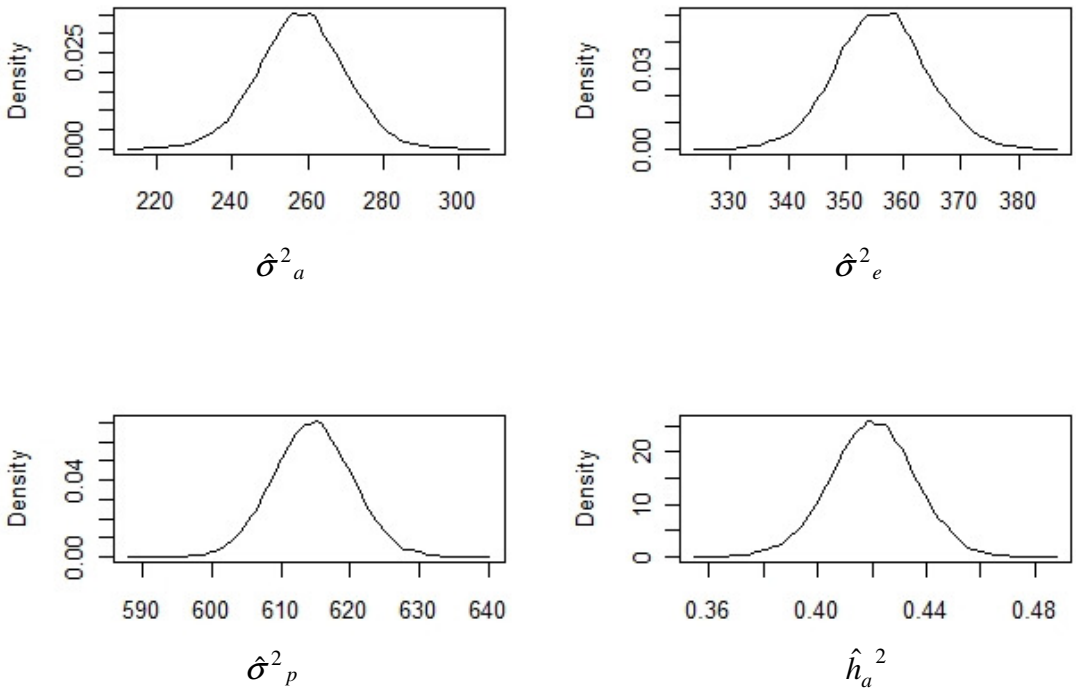
B) Análise uni-característica para peso ao sobreano no rebanho R2



C) Análise uni-característica para peso ao sobreano no rebanho R3



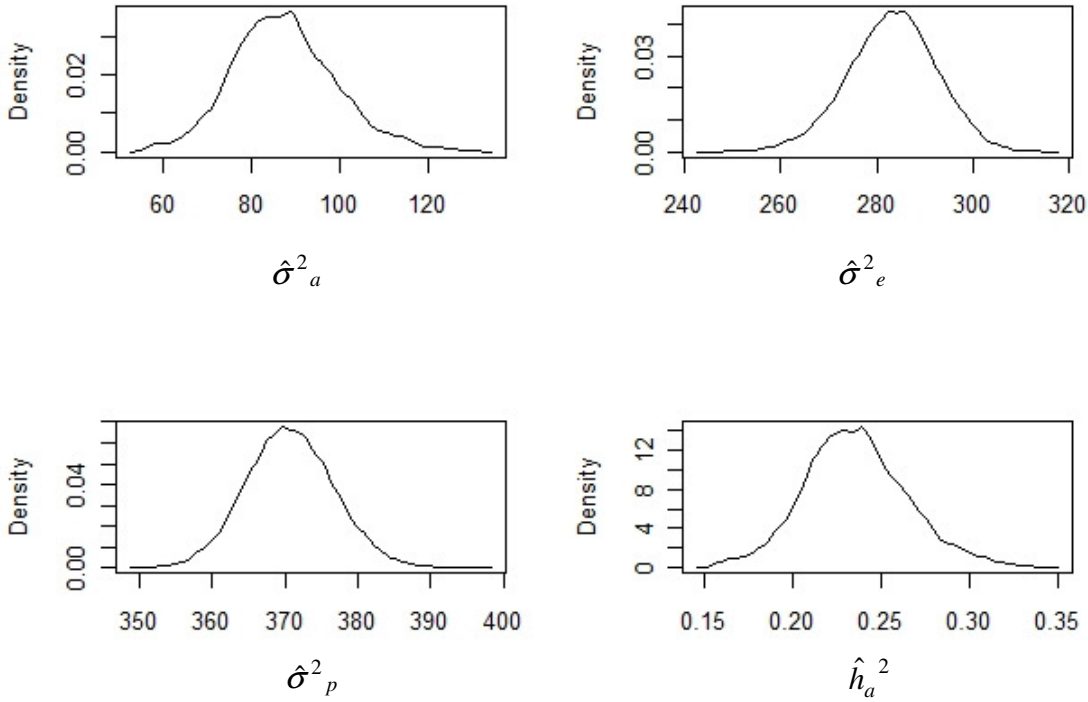
D) Análise uni-característica para peso ao sobreano no conjunto de rebanhos R1+R2+R3



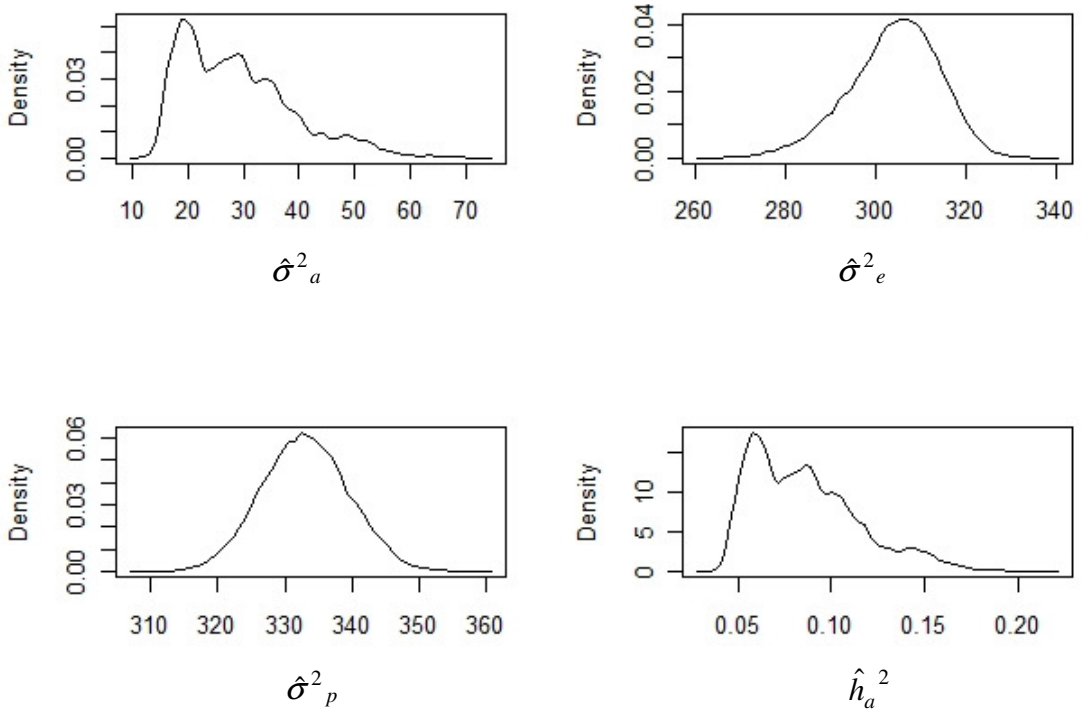
APÊNDICE C

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano via análises uni-características

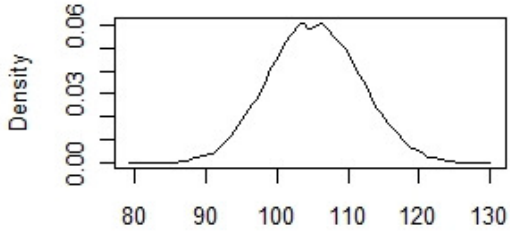
A) Análise uni-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R1



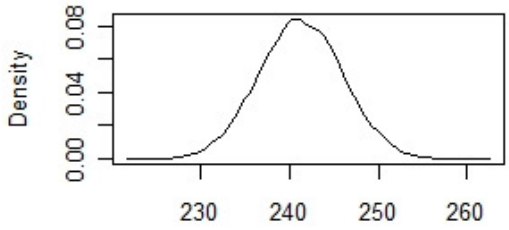
B) Análise uni-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R2



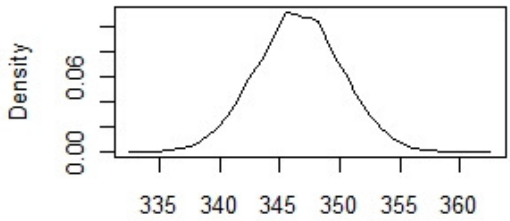
C) Análise uni-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R3



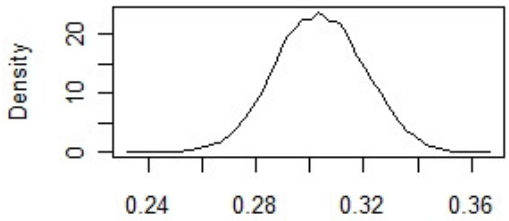
$\hat{\sigma}^2{}_a$



$\hat{\sigma}^2{}_e$

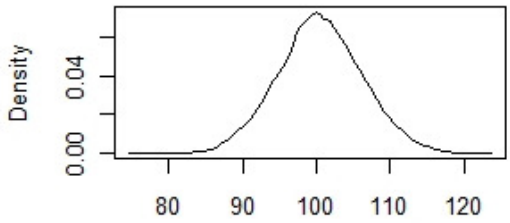


$\hat{\sigma}^2{}_p$

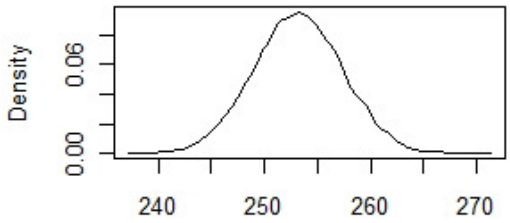


$\hat{h}_a{}^2$

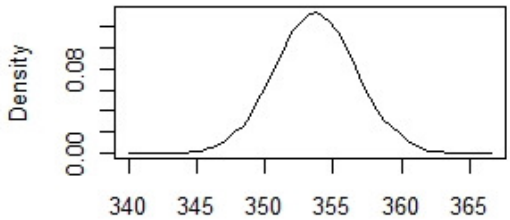
D) Análise uni-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no conjunto de rebanhos R1+R2+R3



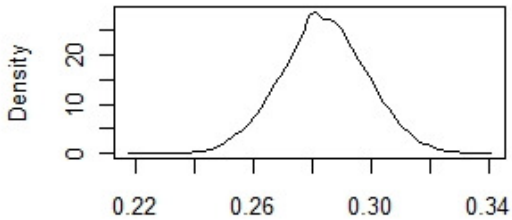
$\hat{\sigma}^2{}_a$



$\hat{\sigma}^2{}_e$



$\hat{\sigma}^2{}_p$

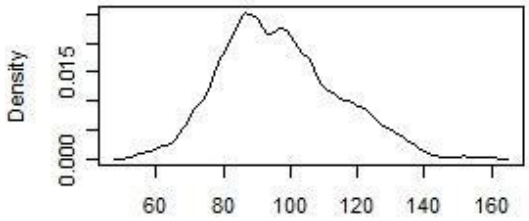


$\hat{h}_a{}^2$

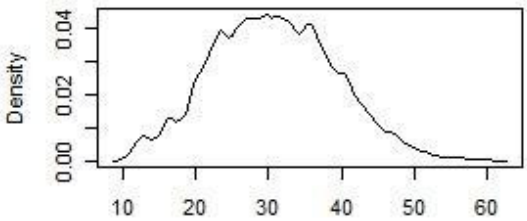
APÊNDICE D

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso à desmama via análises tri-características

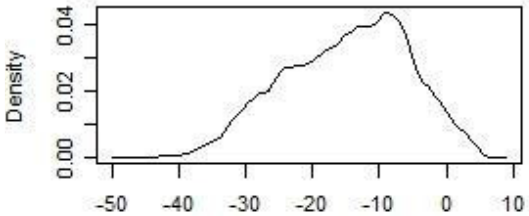
A) Análise tri-característica para peso à desmama no rebanho R1



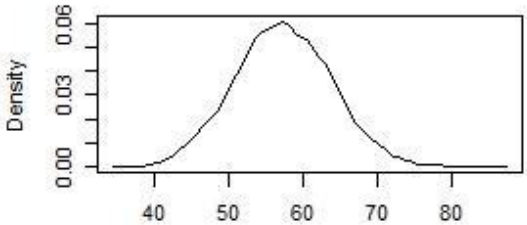
$\hat{\sigma}^2_a$



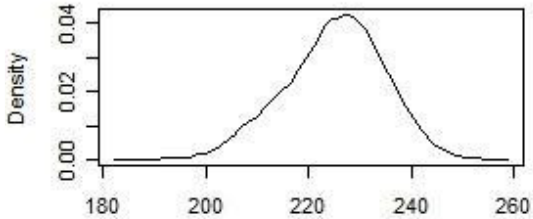
$\hat{\sigma}^2_m$



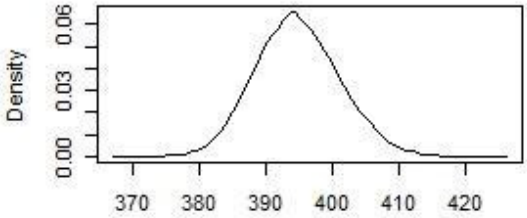
$\hat{\sigma}_{a,m}$



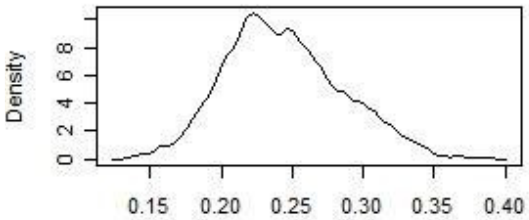
$\hat{\sigma}^2_{pe}$



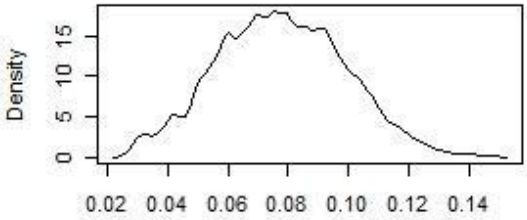
$\hat{\sigma}^2_e$



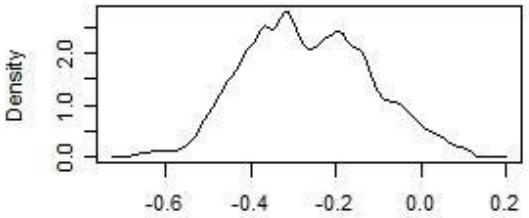
$\hat{\sigma}^2_p$



$\hat{h}_a^2$

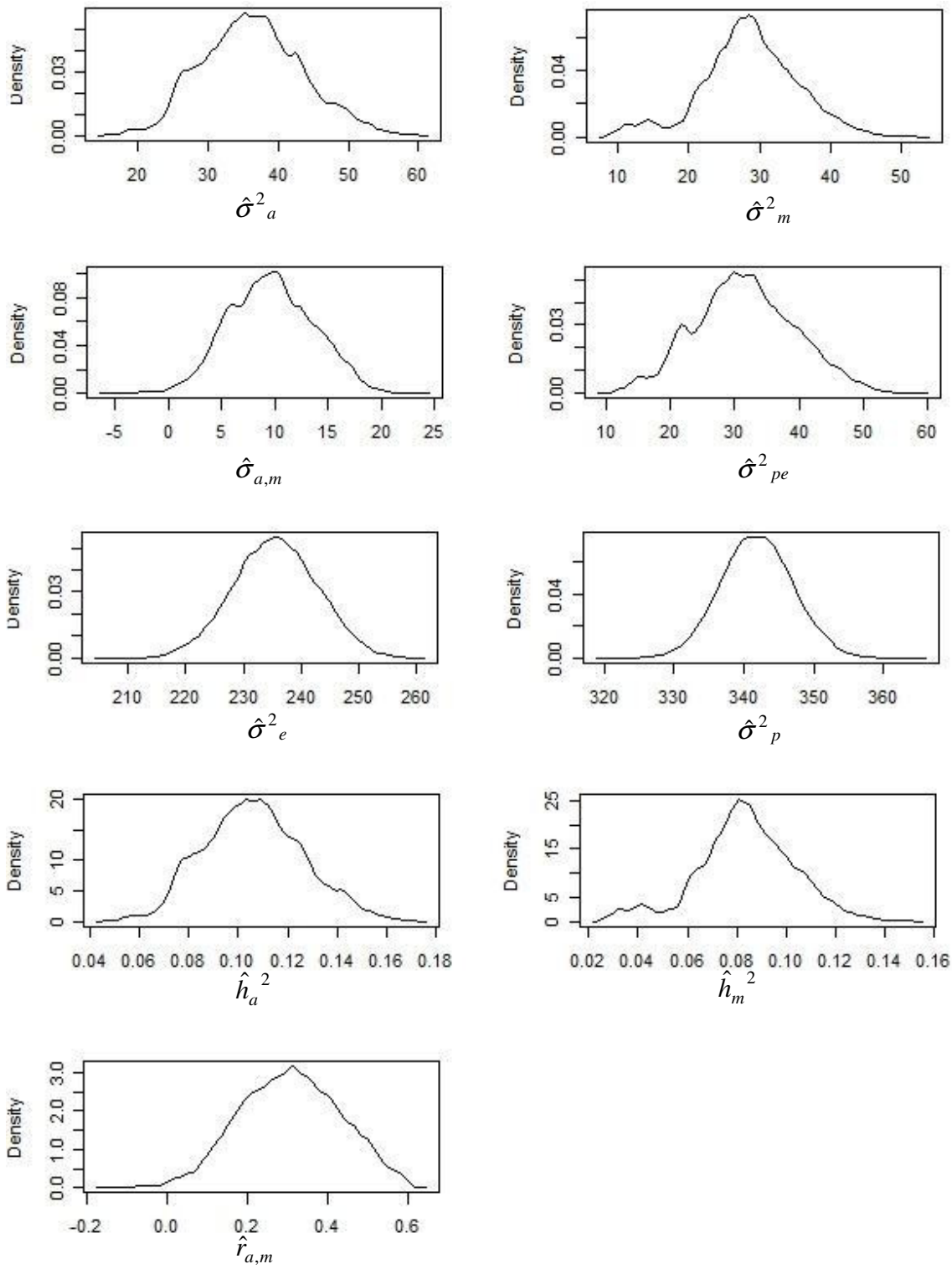


$\hat{h}_m^2$

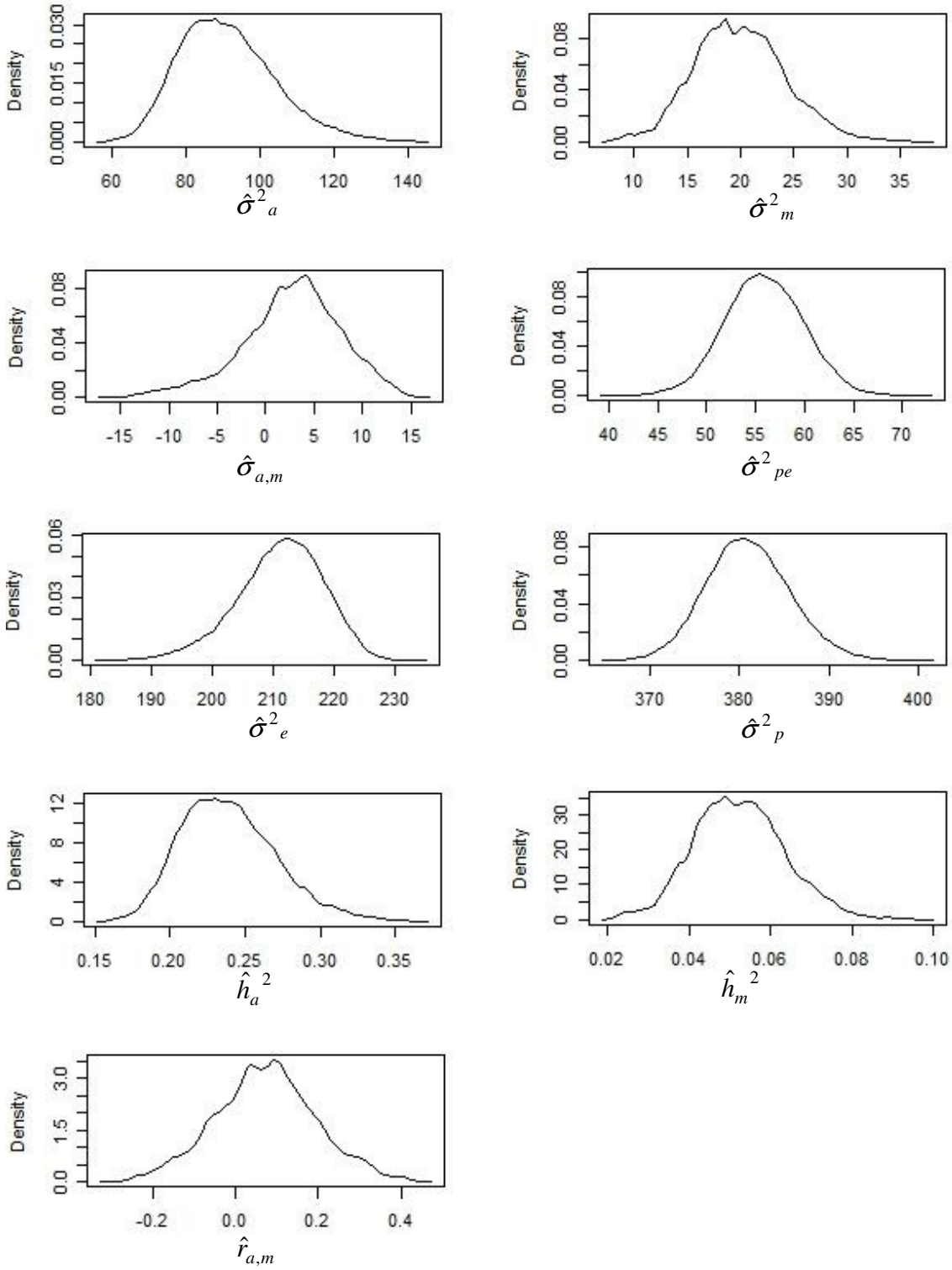


$\hat{r}_{a,m}$

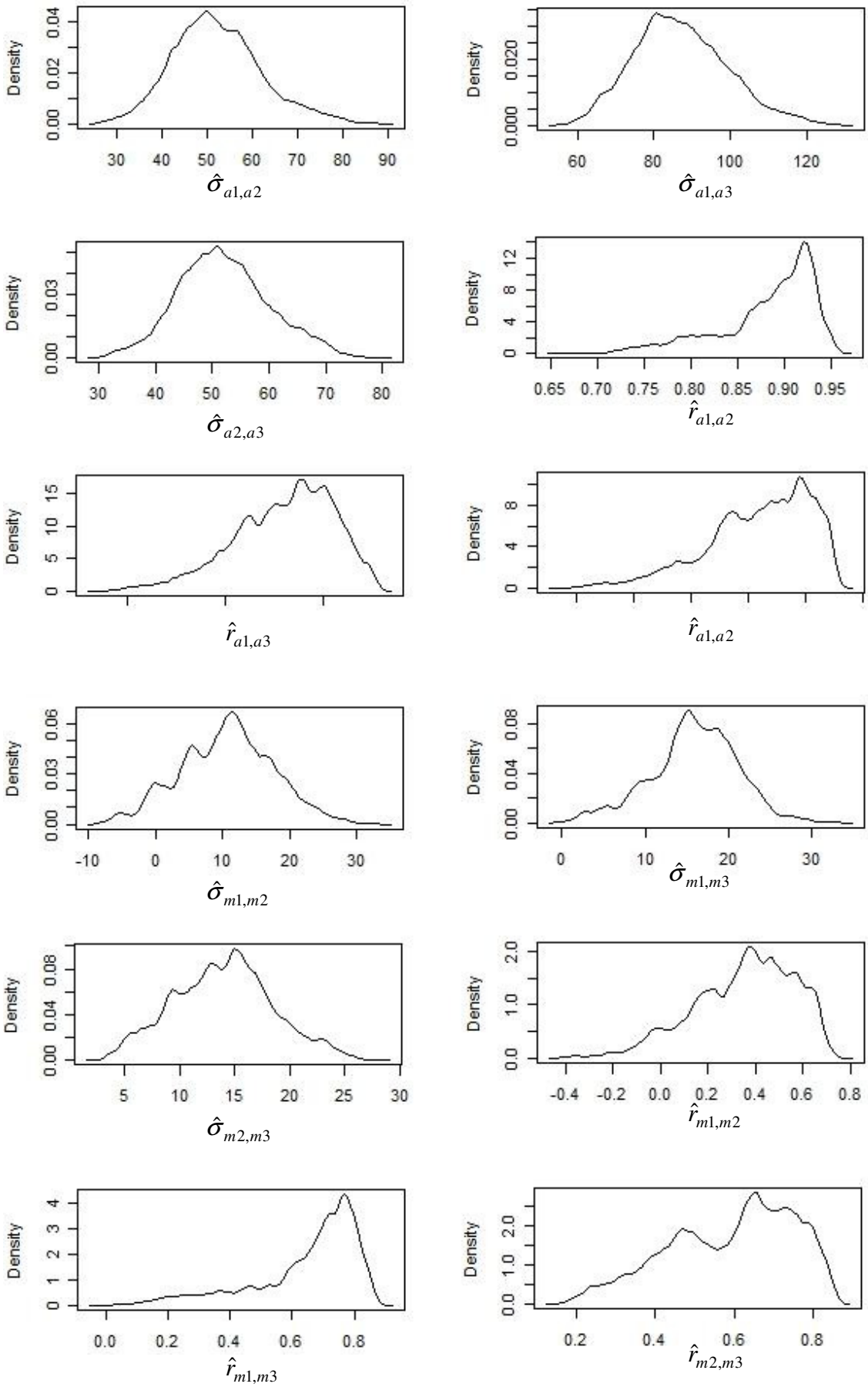
B) Análise tri-característica para peso à desmama no rebanho R2



C) Análise tri-característica para peso à desmama no rebanho R3



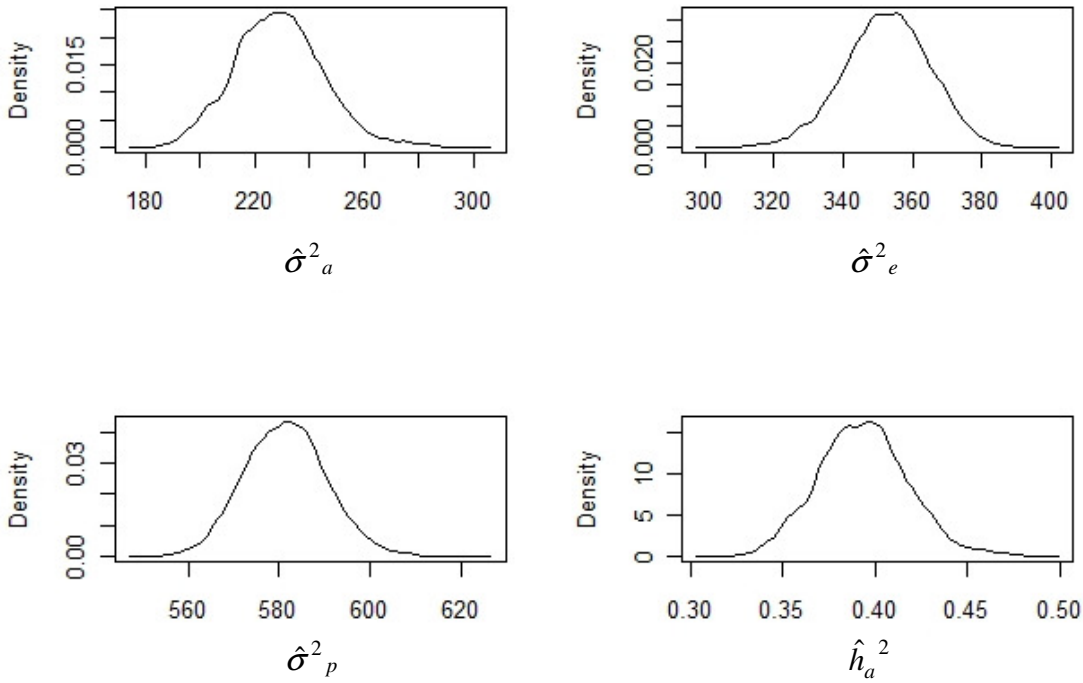
D) Análise tri-característica para peso à desmama: covariâncias e correlações genéticas da mesma característica entre rebanhos diferentes



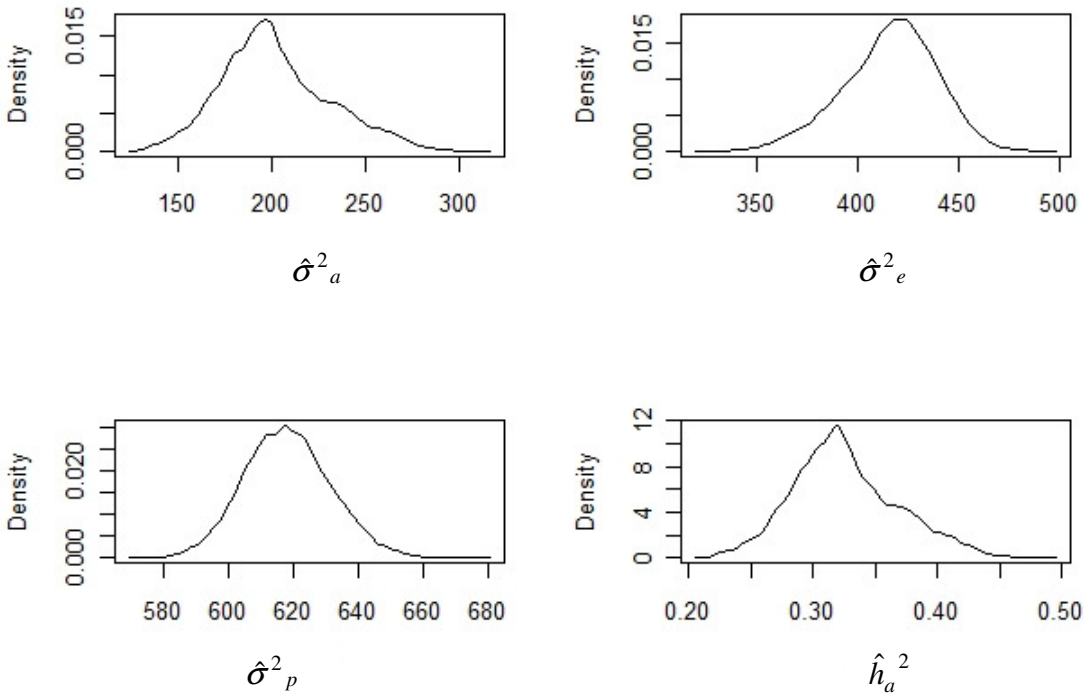
APÊNDICE E

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso ao sobreano via análises tri-características

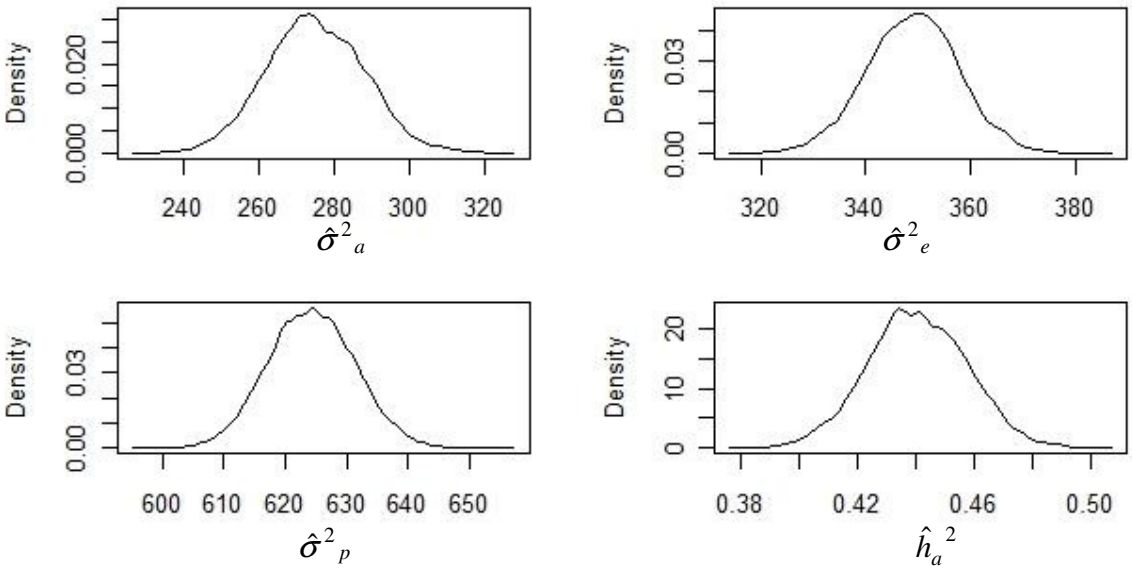
A) Análise tri-característica para peso ao sobreano no rebanho R1



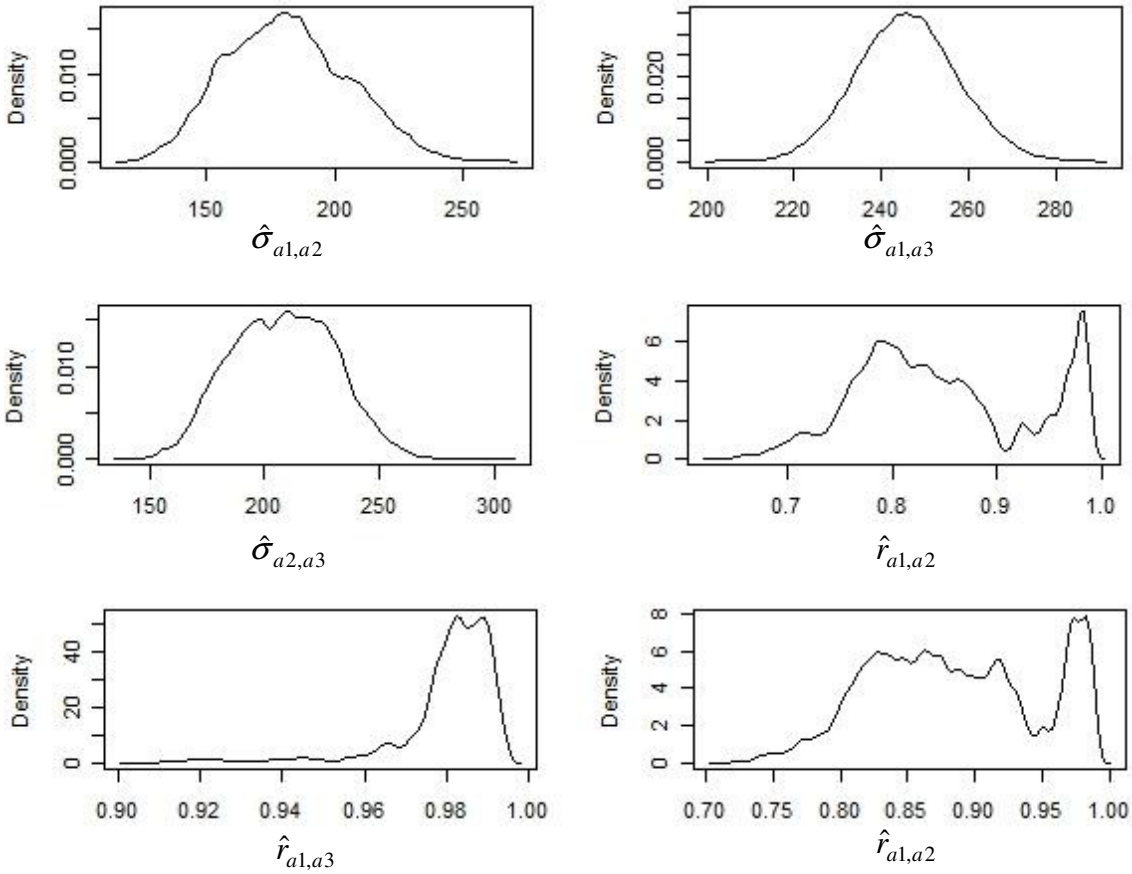
B) Análise tri-característica para peso ao sobreano no rebanho R2



C) Análise tri-característica para peso ao sobreano no rebanho R3



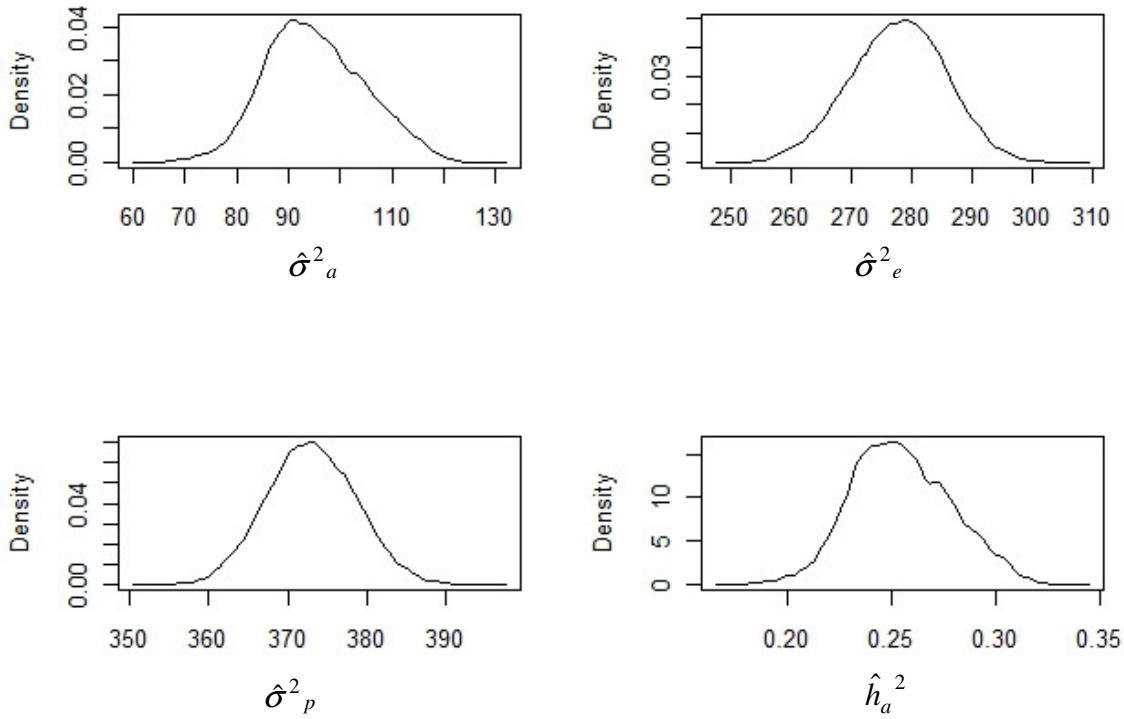
D) Análise tri-característica para peso ao sobreano: covariâncias e correlações genéticas da mesma característica entre rebanhos diferentes



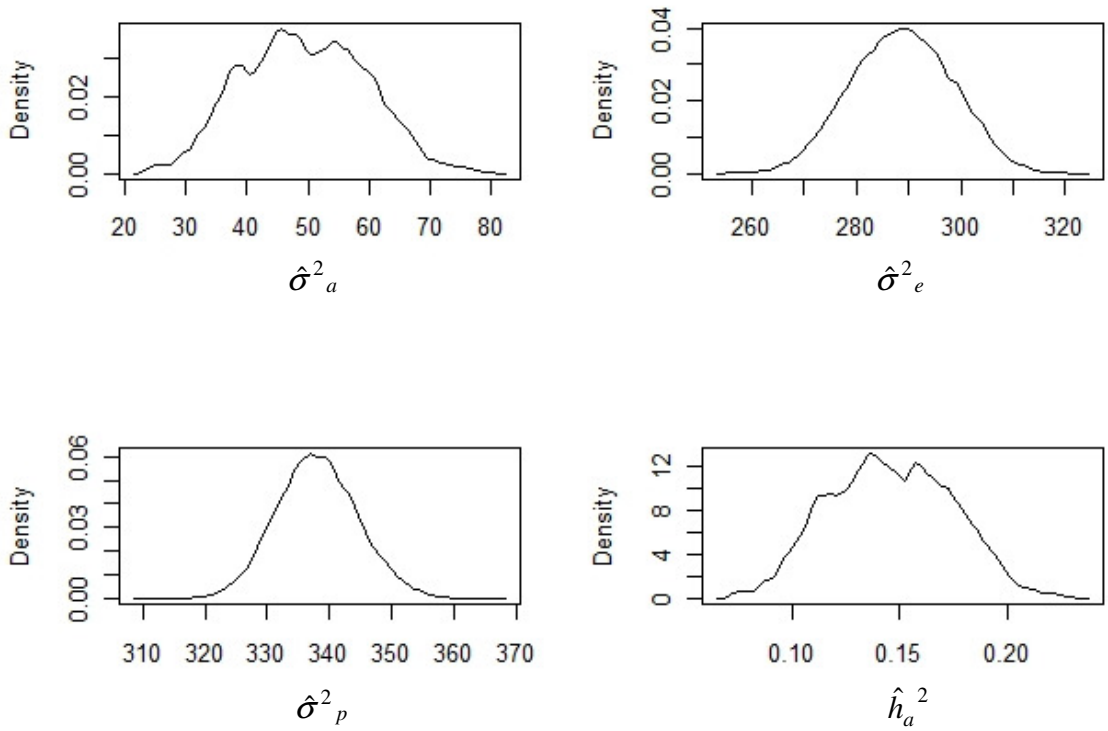
APÊNDICE F

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano via análises tri-características

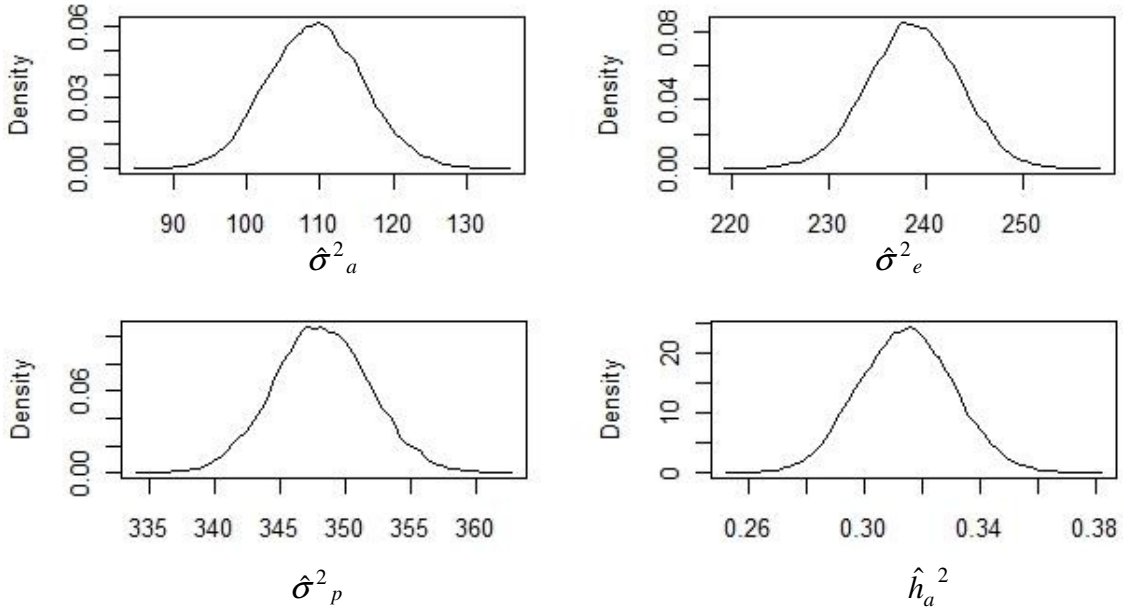
A) Análise tri-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R1



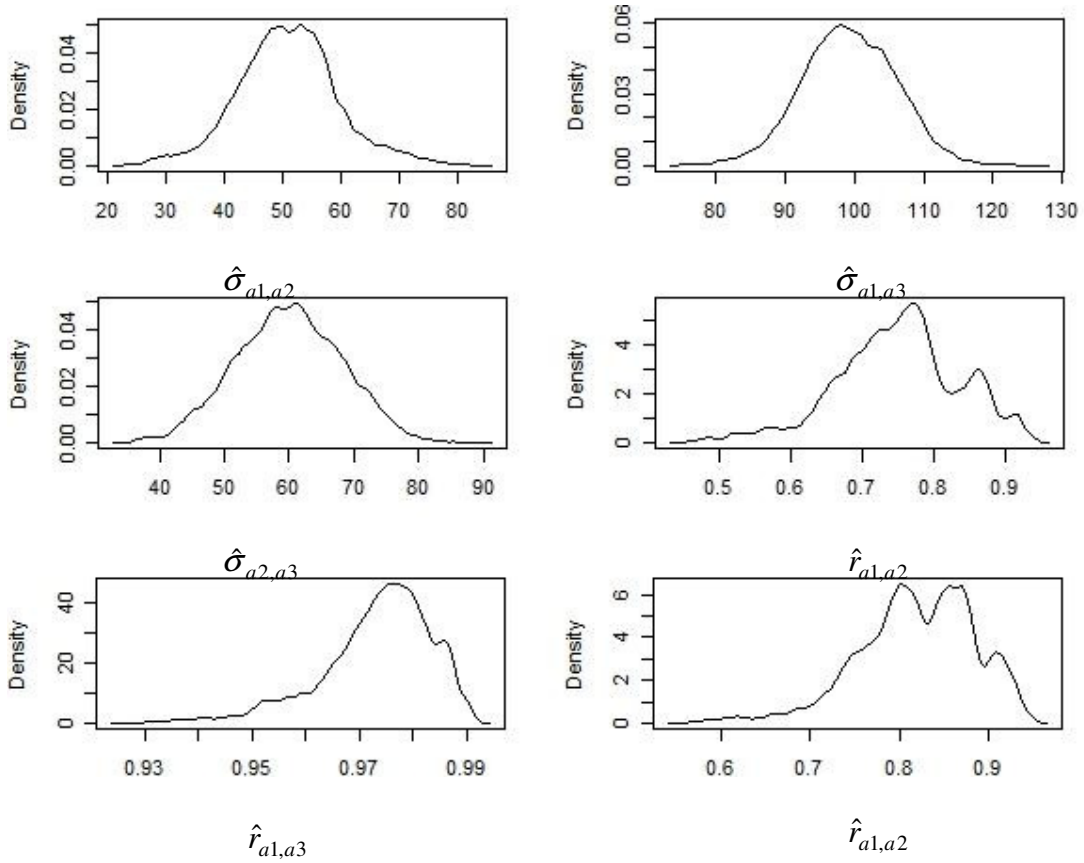
B) Análise tri-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R2



C) Análise tri-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano no rebanho R3

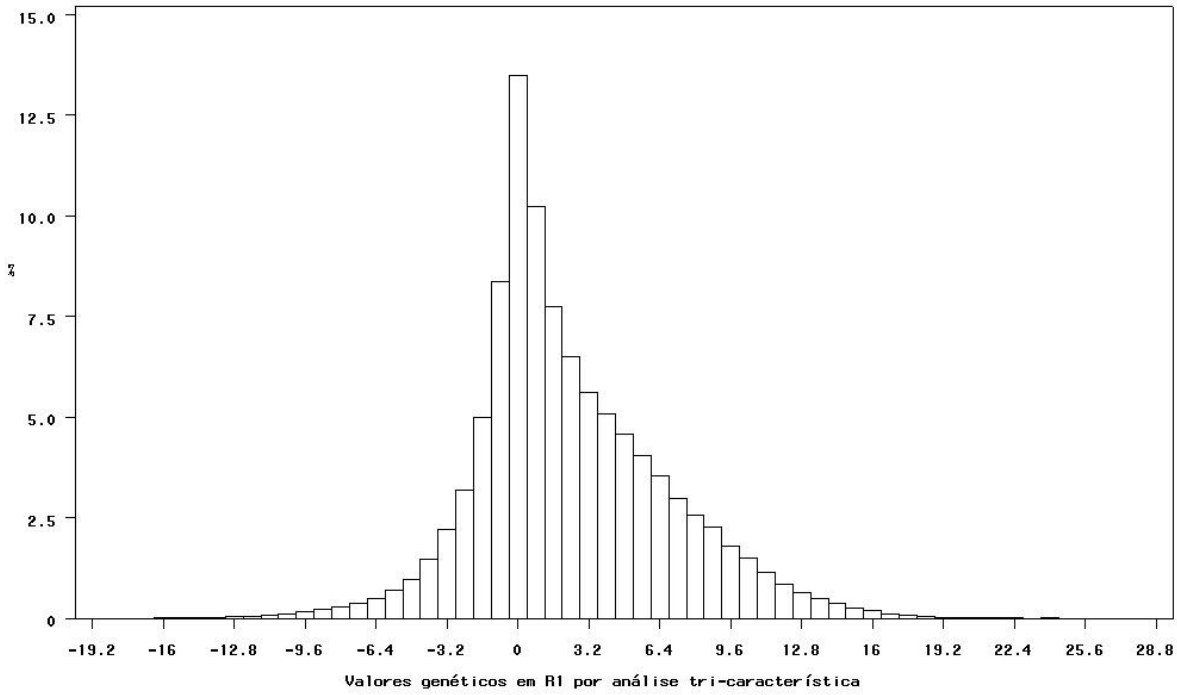


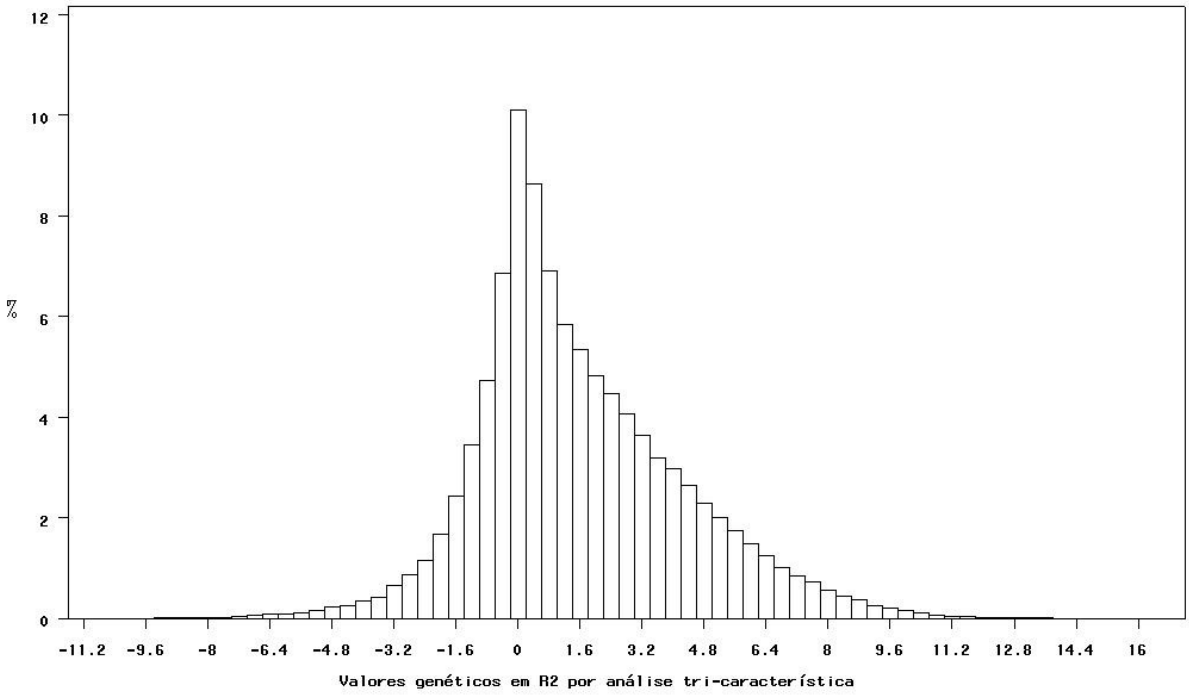
D) Análise tri-característica para ganho de peso da desmama ao sobreano: covariâncias e correlações genéticas da mesma característica entre rebanhos diferentes

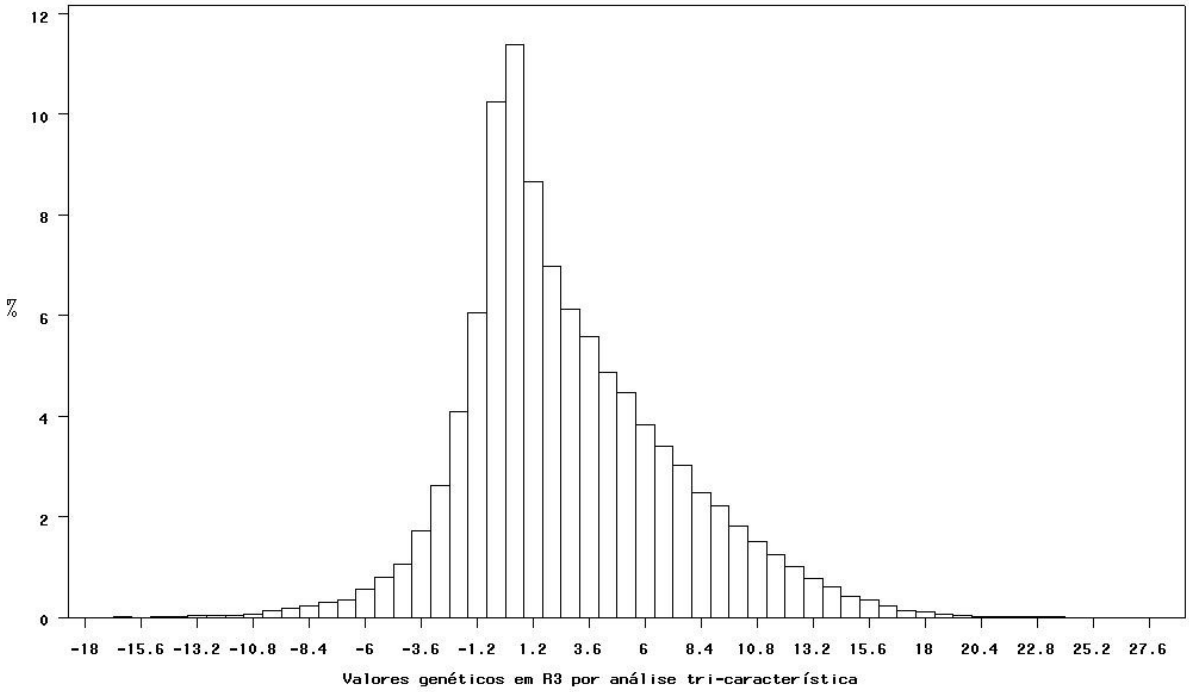


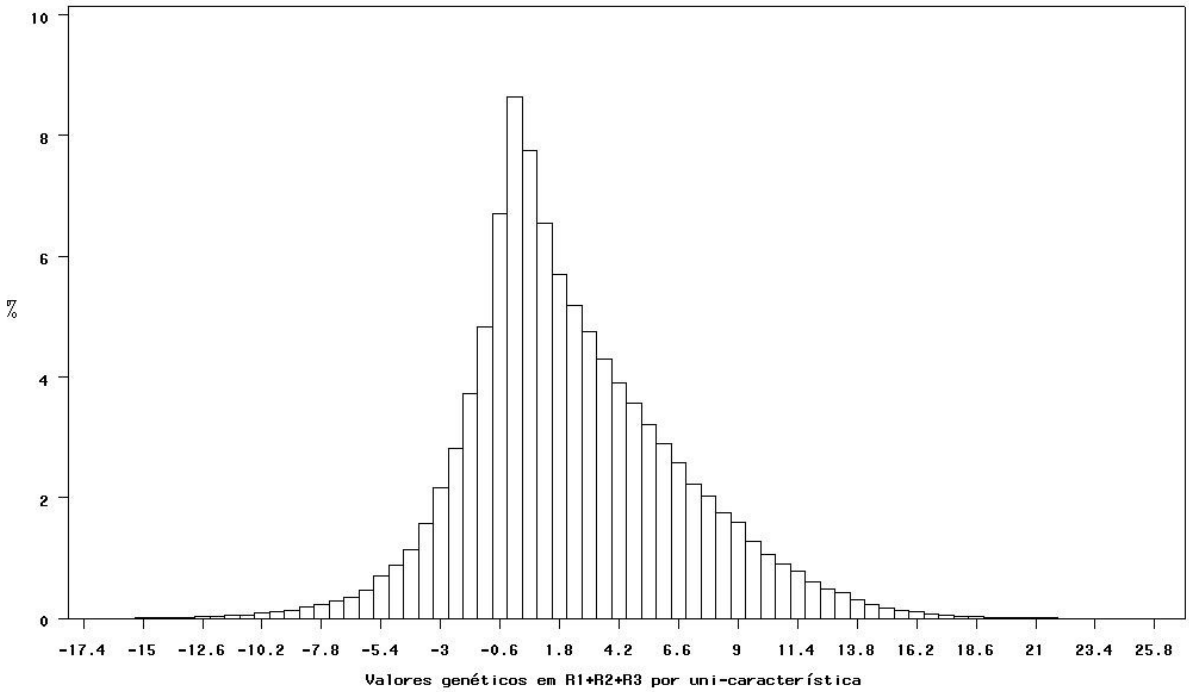
APÊNDICE G

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para peso à desmama, obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



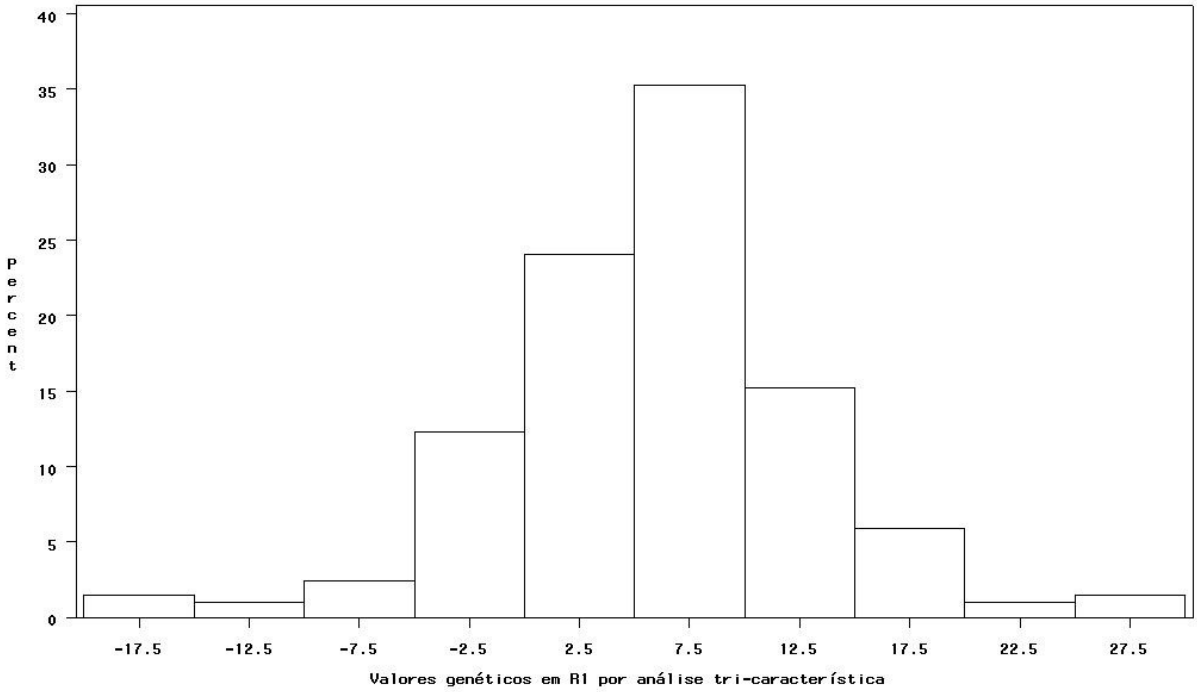


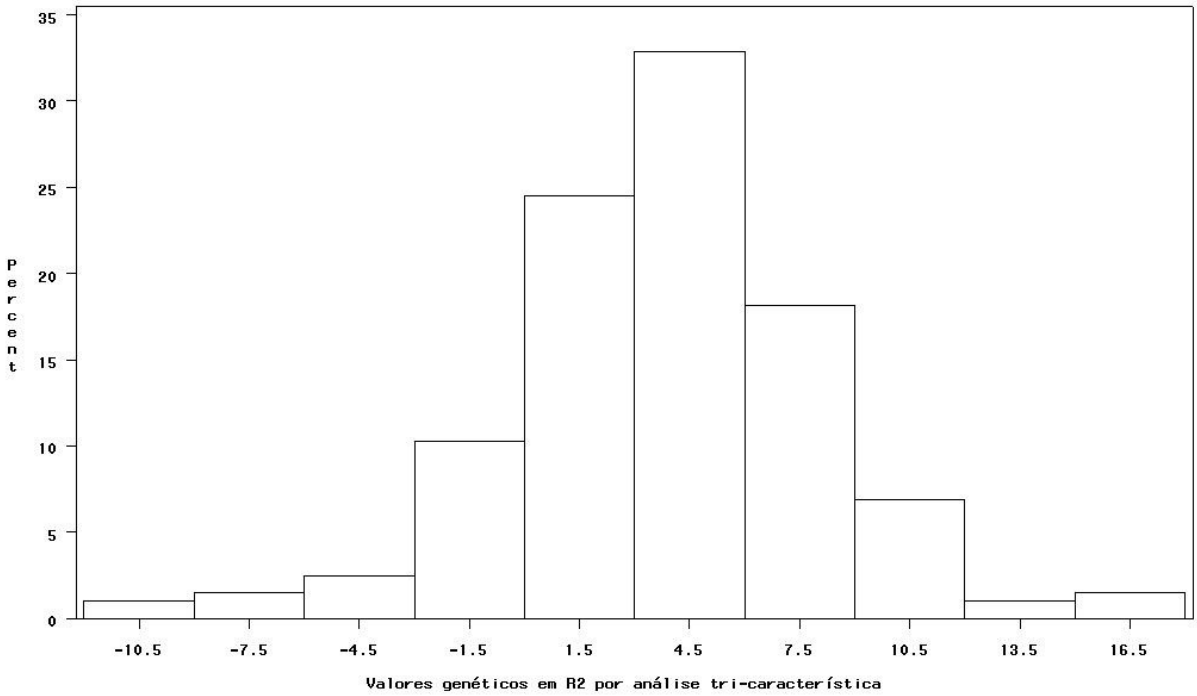

12
10
8
6
4
2
0
%
-18 -15.6 -13.2 -10.8 -8.4 -6 -3.6 -1.2 1.2 3.6 6 8.4 10.8 13.2 15.6 18 20.4 22.8 25.2 27.6
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica

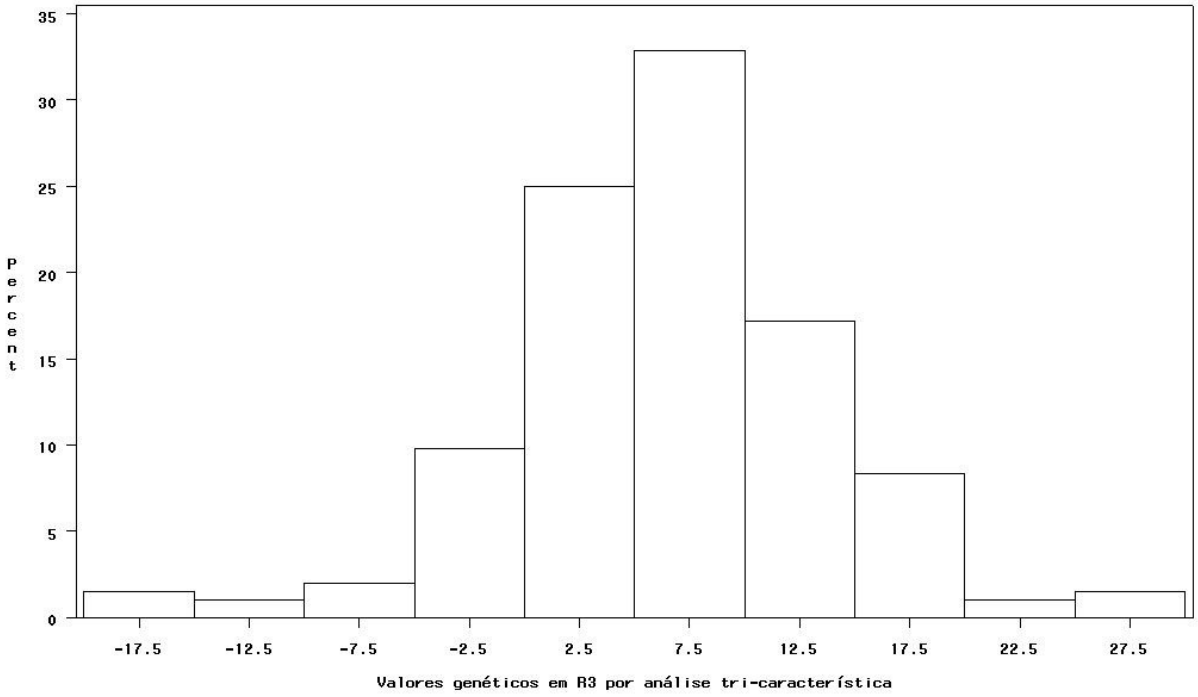

10
8
6
4
2
0
%
-17.4 -15 -12.6 -10.2 -7.8 -5.4 -3 -0.6 1.8 4.2 6.6 9 11.4 13.8 16.2 18.6 21 23.4 25.8
Valores genéticos em R1+R2+R3 por uni-característica

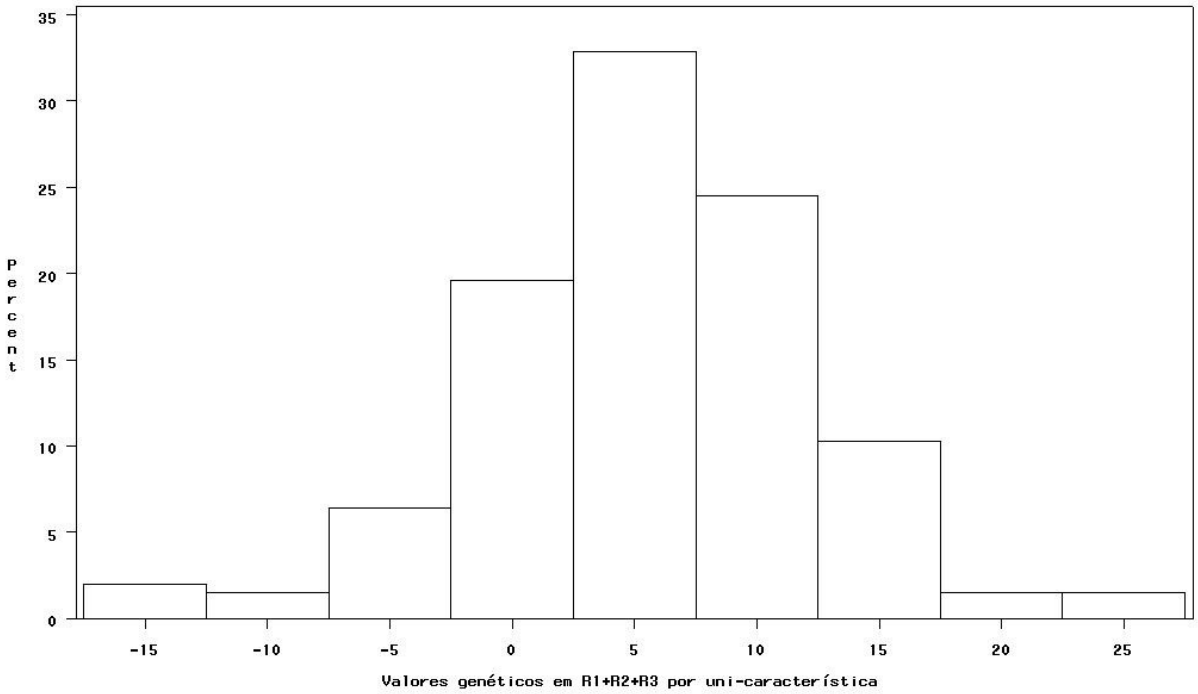
APÊNDICE H

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para peso à desmama, obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



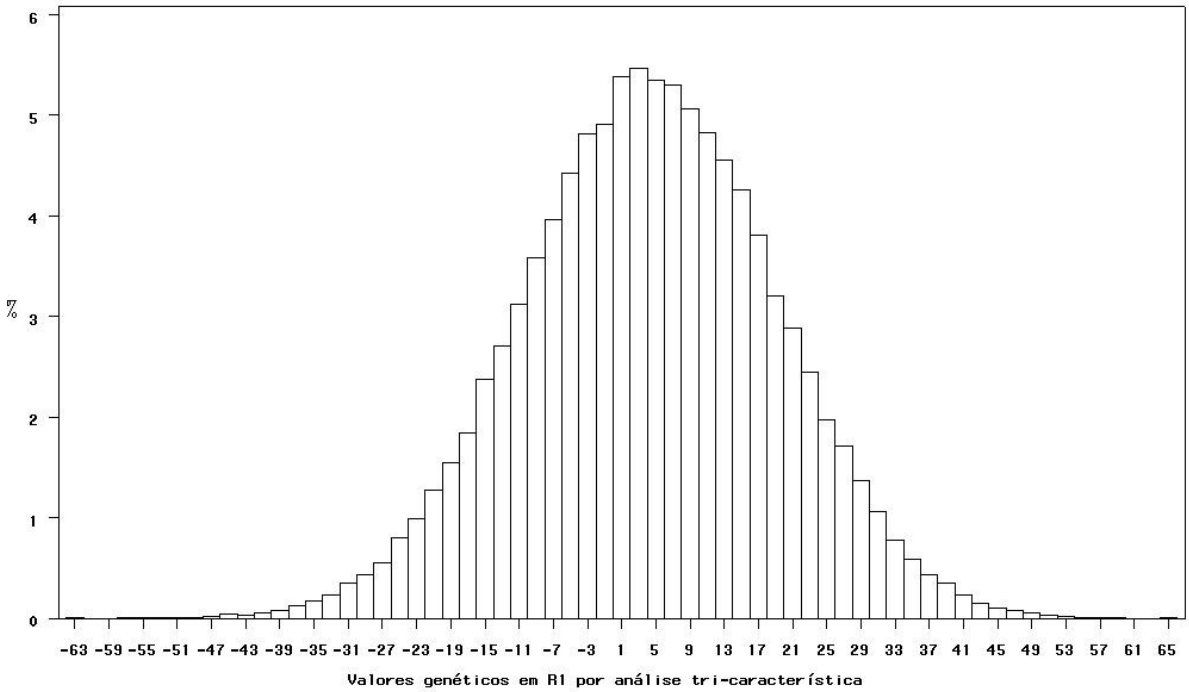


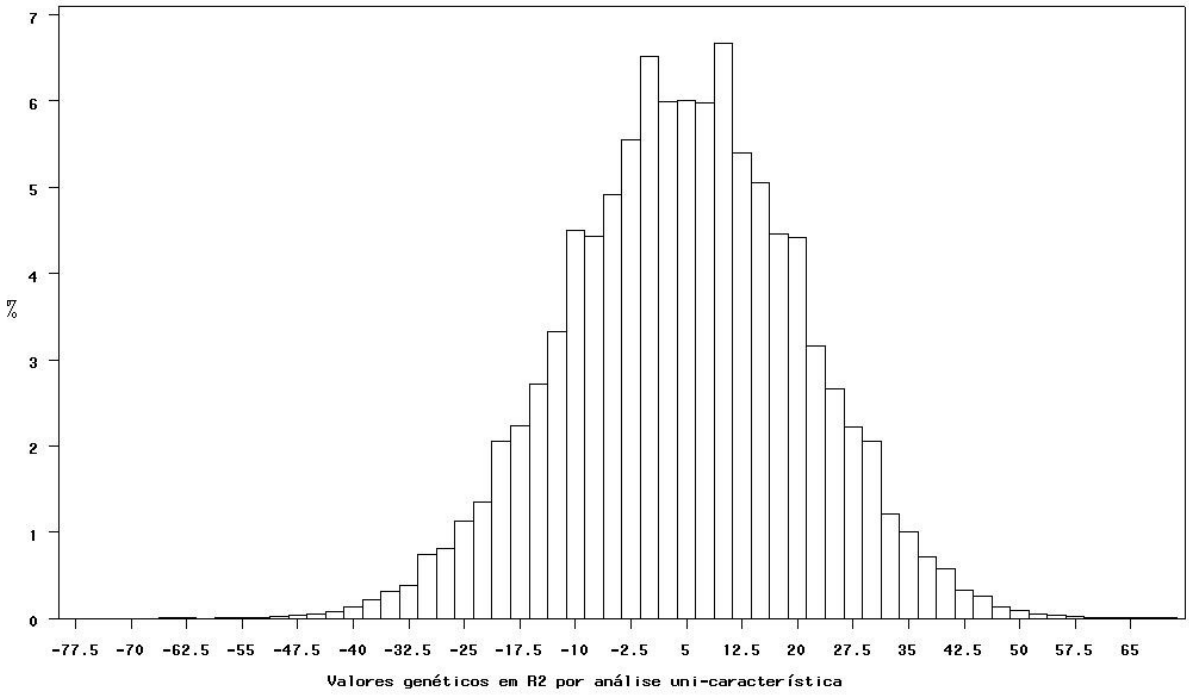

Percent
35
30
25
20
15
10
5
0
-17.5
-12.5
-7.5
-2.5
2.5
7.5
12.5
17.5
22.5
27.5
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica

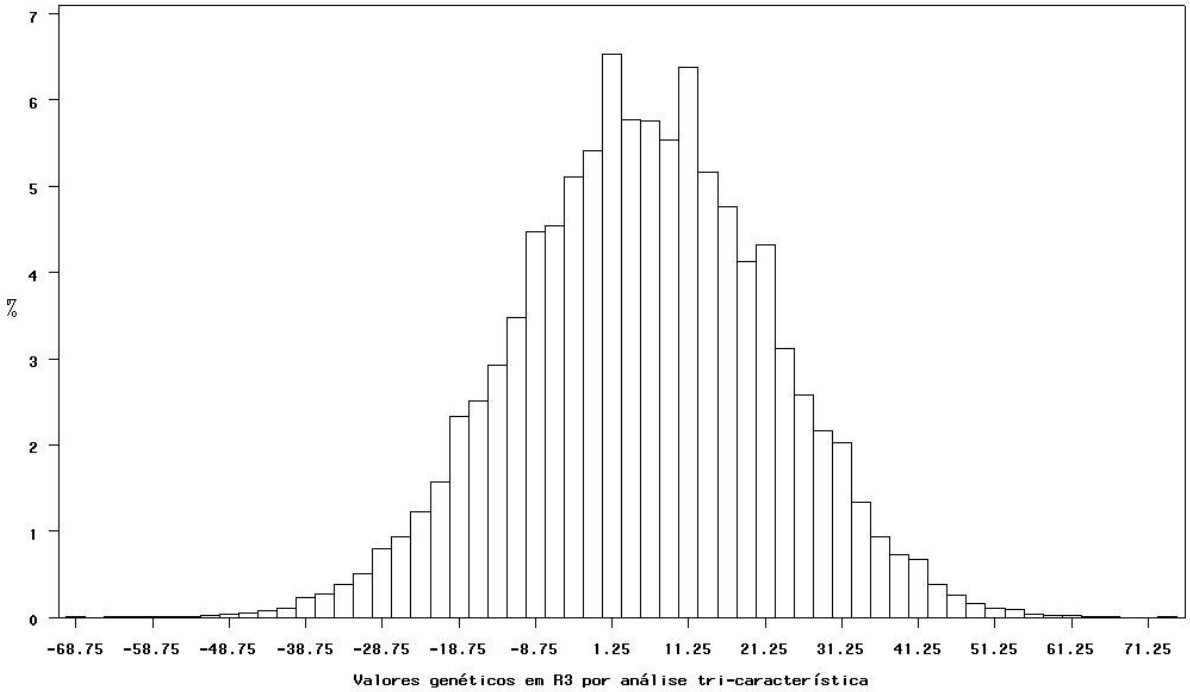

Percent
35
30
25
20
15
10
5
0
-15
-10
-5
0
5
10
15
20
25
Valores genéticos em R1+R2+R3 por uni-característica

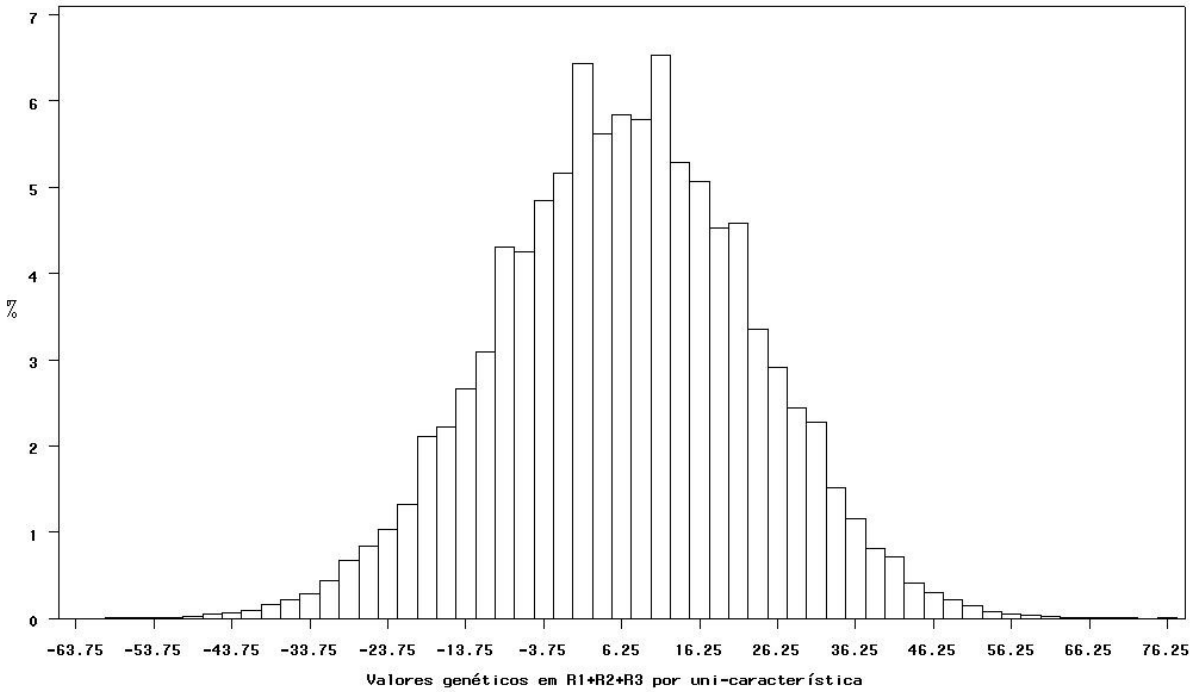
APÊNDICE I

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para peso ao sobreano, obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



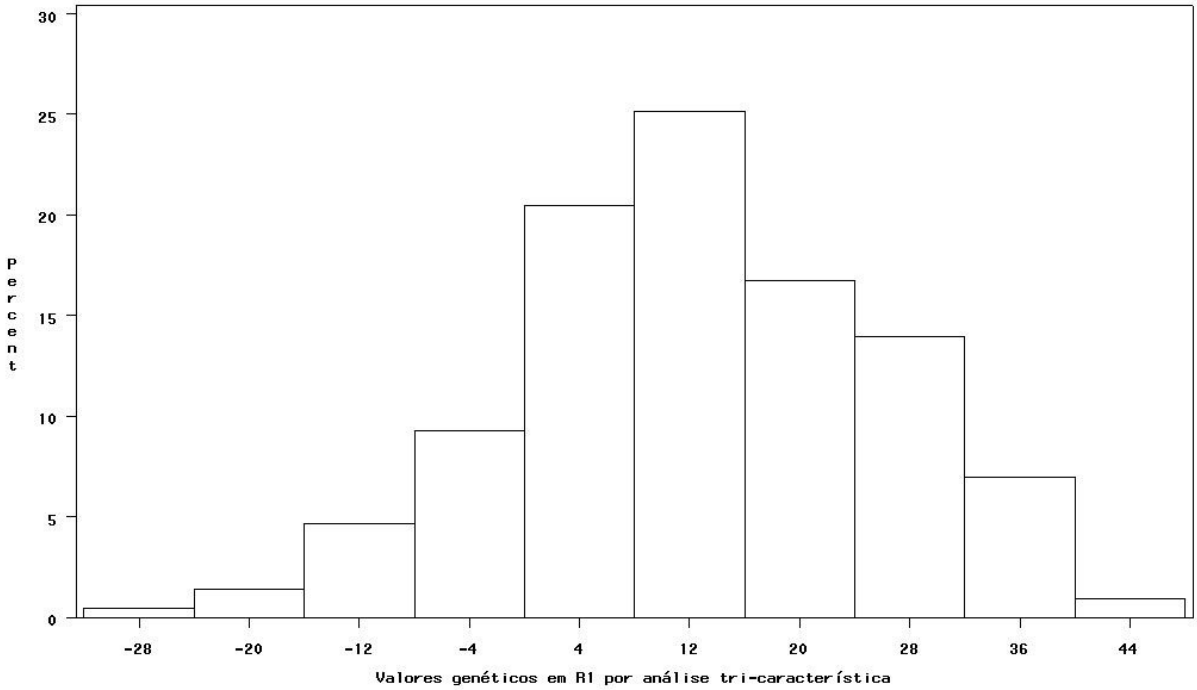


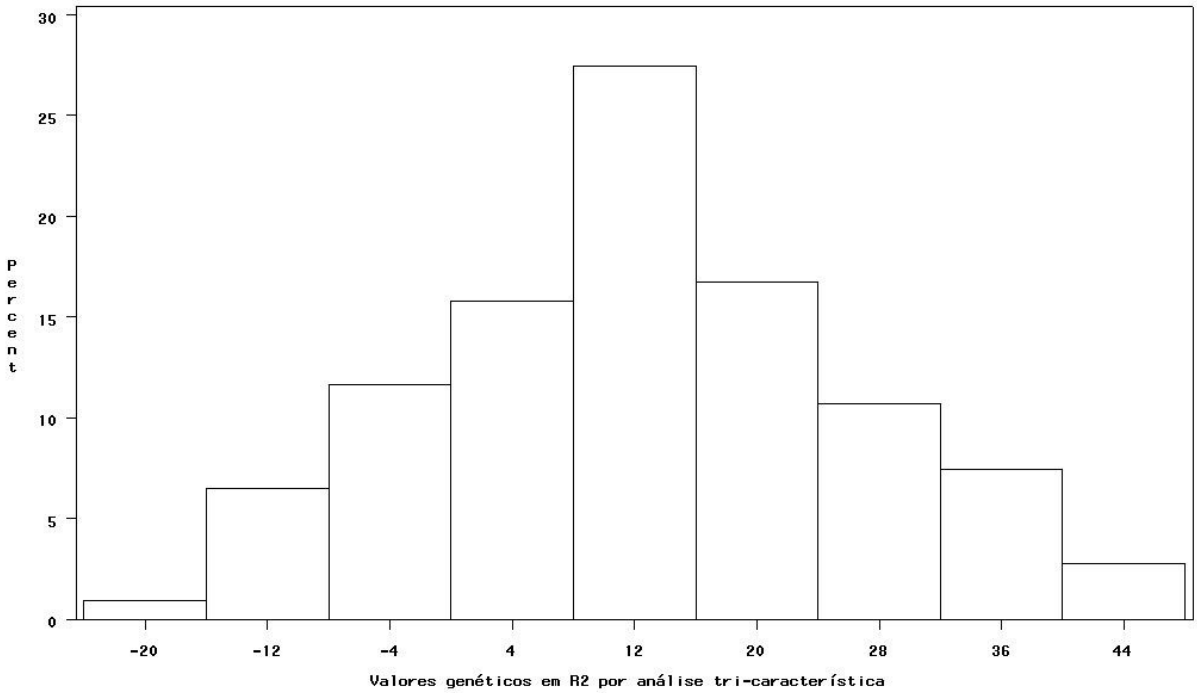

%
0
1
2
3
4
5
6
7
-68.75 -58.75 -48.75 -38.75 -28.75 -18.75 -8.75 1.25 11.25 21.25 31.25 41.25 51.25 61.25 71.25
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica

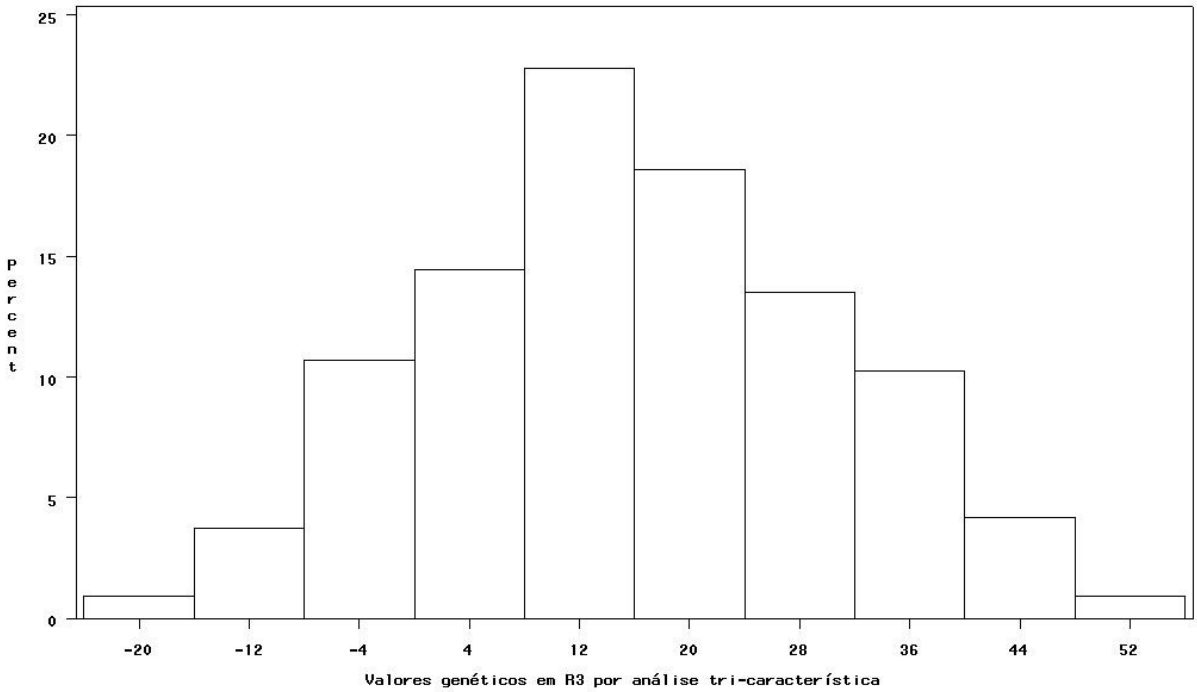

%
0
1
2
3
4
5
6
7
-63.75 -53.75 -43.75 -33.75 -23.75 -13.75 -3.75 6.25 16.25 26.25 36.25 46.25 56.25 66.25 76.25
Valores genéticos em R1+R2+R3 por uni-característica

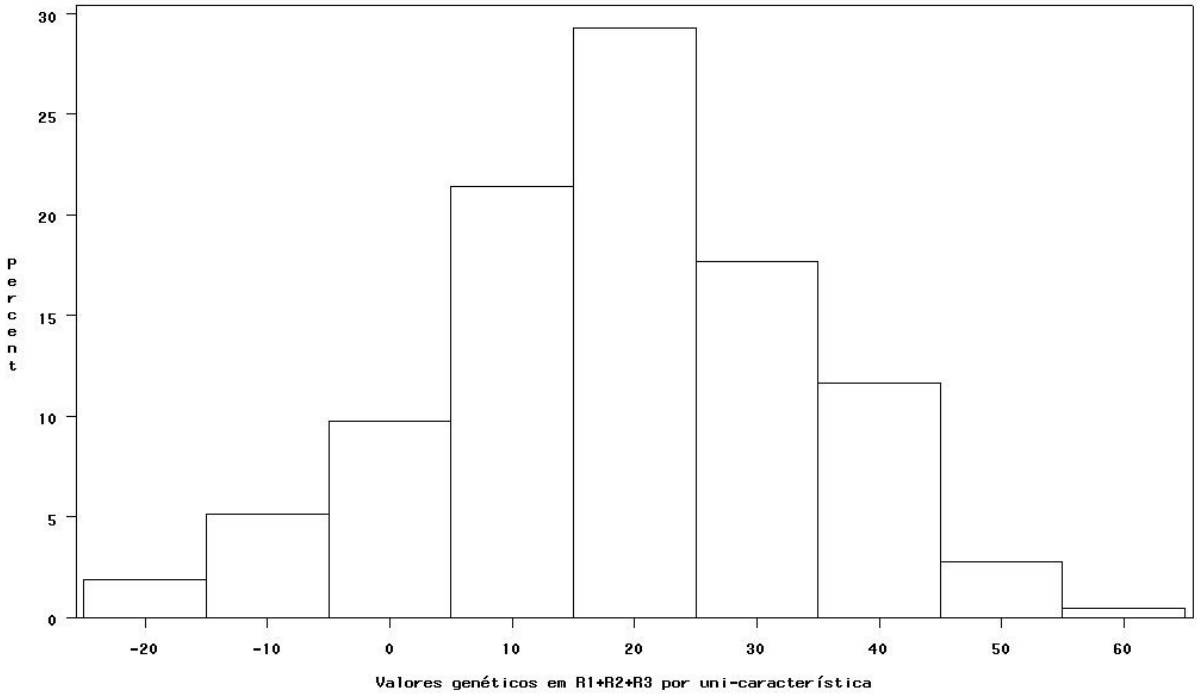
APÊNDICE J

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para peso ao sobreano, obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



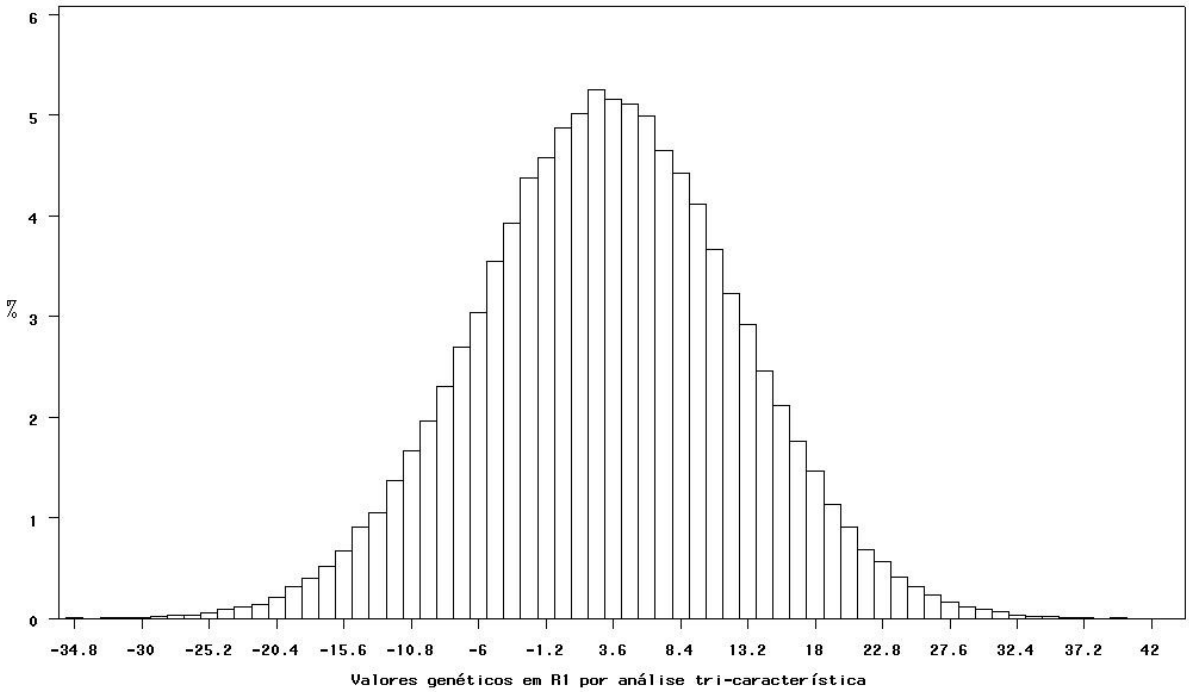


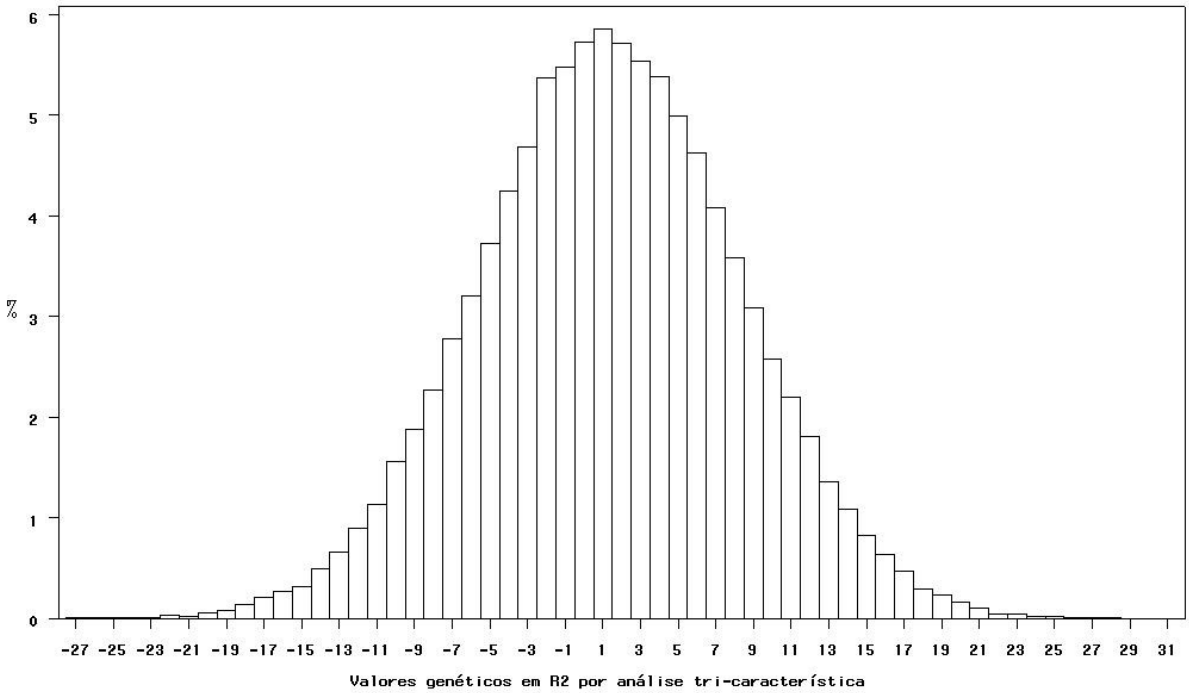

25
20
15
10
5
0
Percent
-20
-12
-4
4
12
20
28
36
44
52
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica

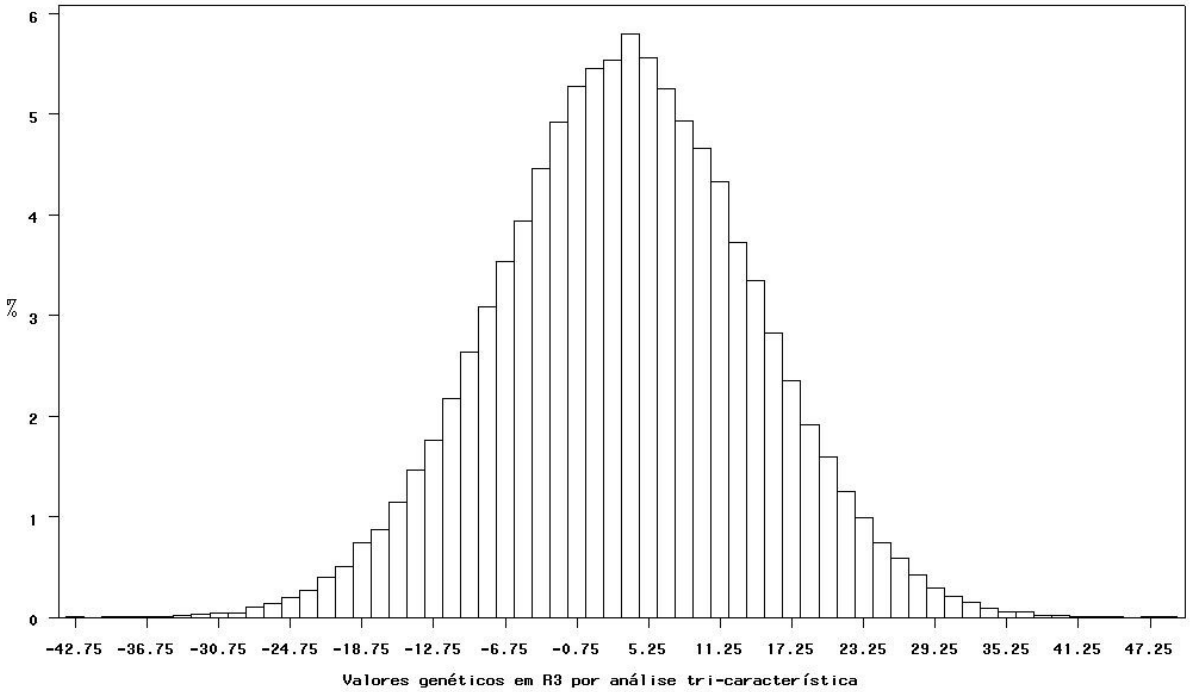

30
25
20
15
10
5
0
Percent
-20
-10
0
10
20
30
40
50
60
Valores genéticos em R1+R2+R3 por uni-característica

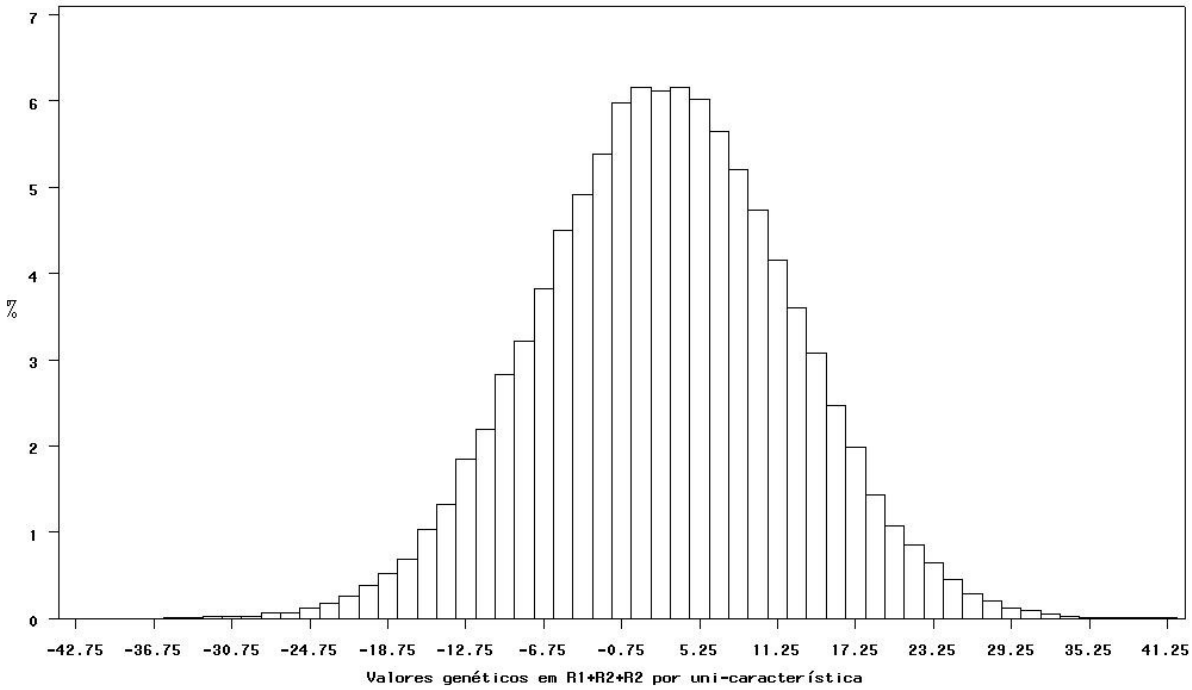
APÊNDICE K

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para ganho de peso da desmama, ao sobreano obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



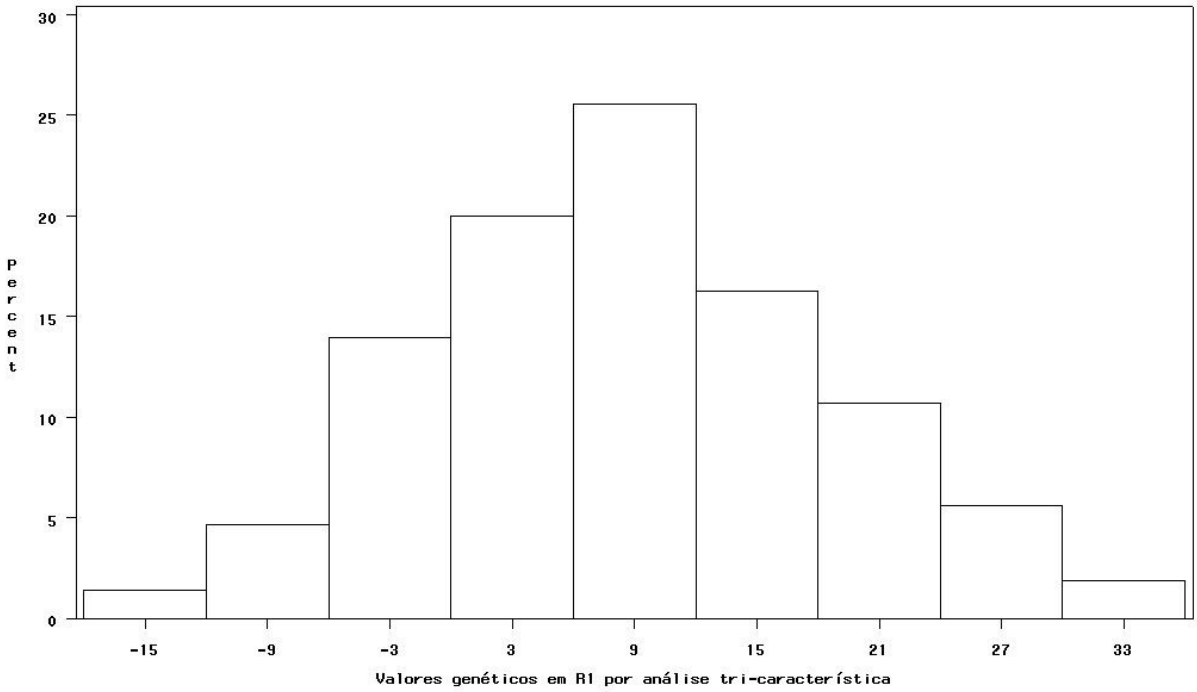


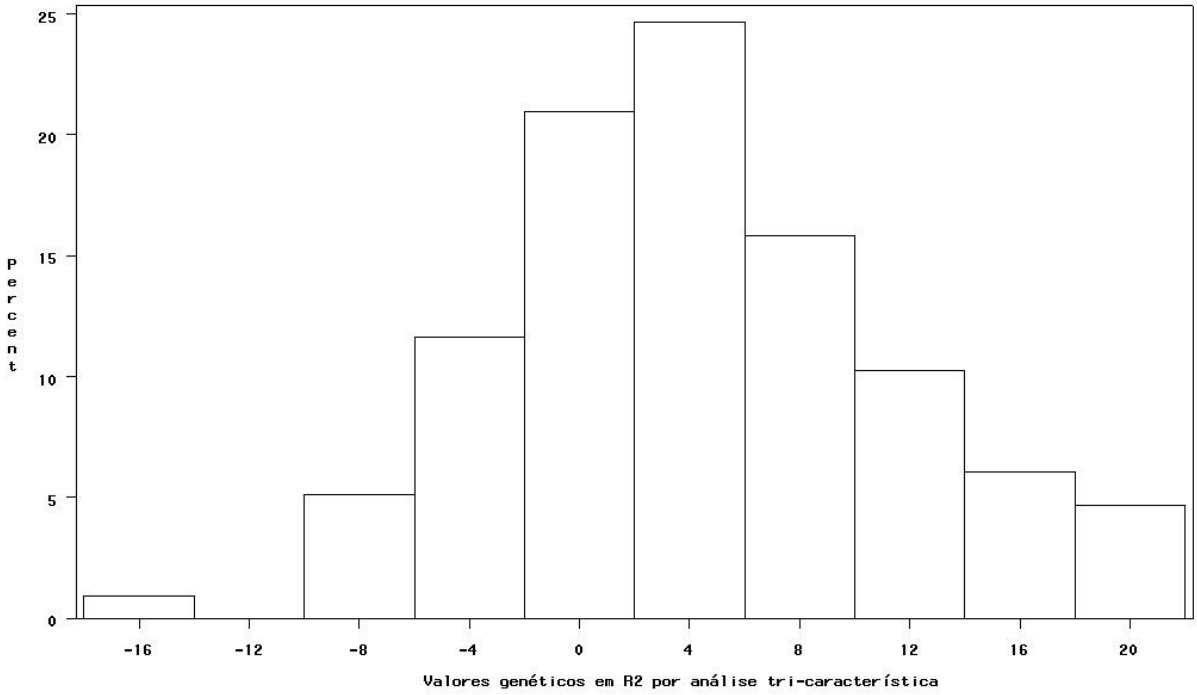

%
0
1
2
3
4
5
6
-42.75 -36.75 -30.75 -24.75 -18.75 -12.75 -6.75 -0.75 5.25 11.25 17.25 23.25 29.25 35.25 41.25 47.25
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica

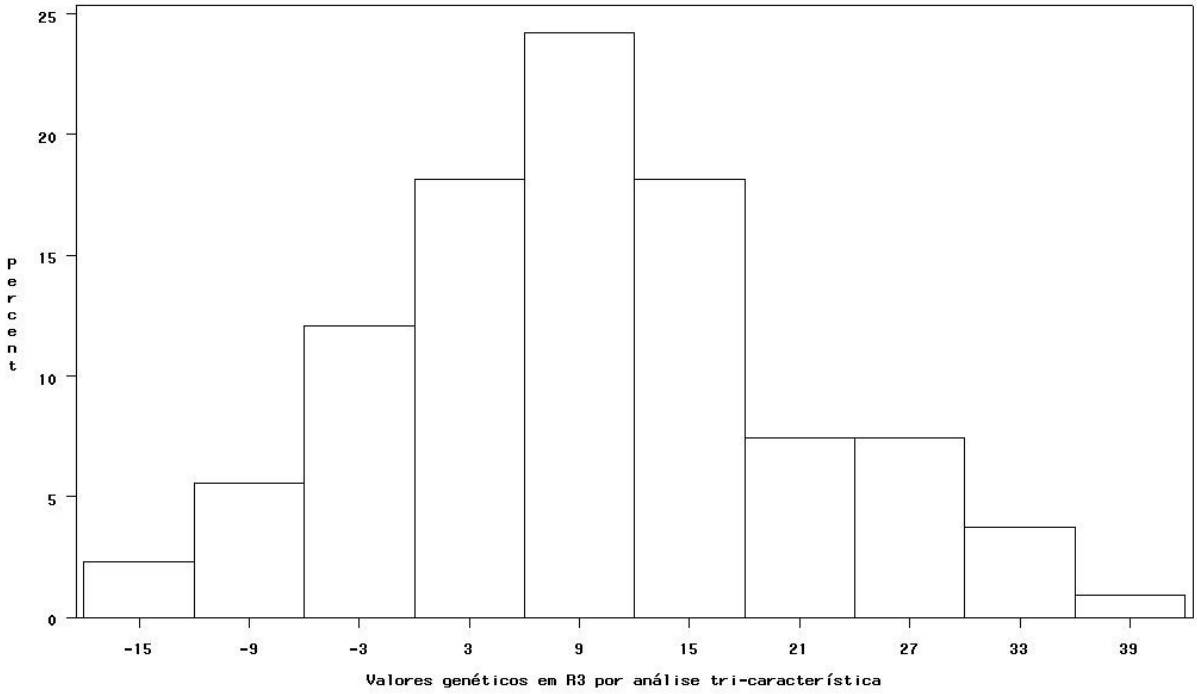

%
0
1
2
3
4
5
6
7
-42.75 -36.75 -30.75 -24.75 -18.75 -12.75 -6.75 -0.75 5.25 11.25 17.25 23.25 29.25 35.25 41.25
Valores genéticos em R1+R2+R2 por uni-característica

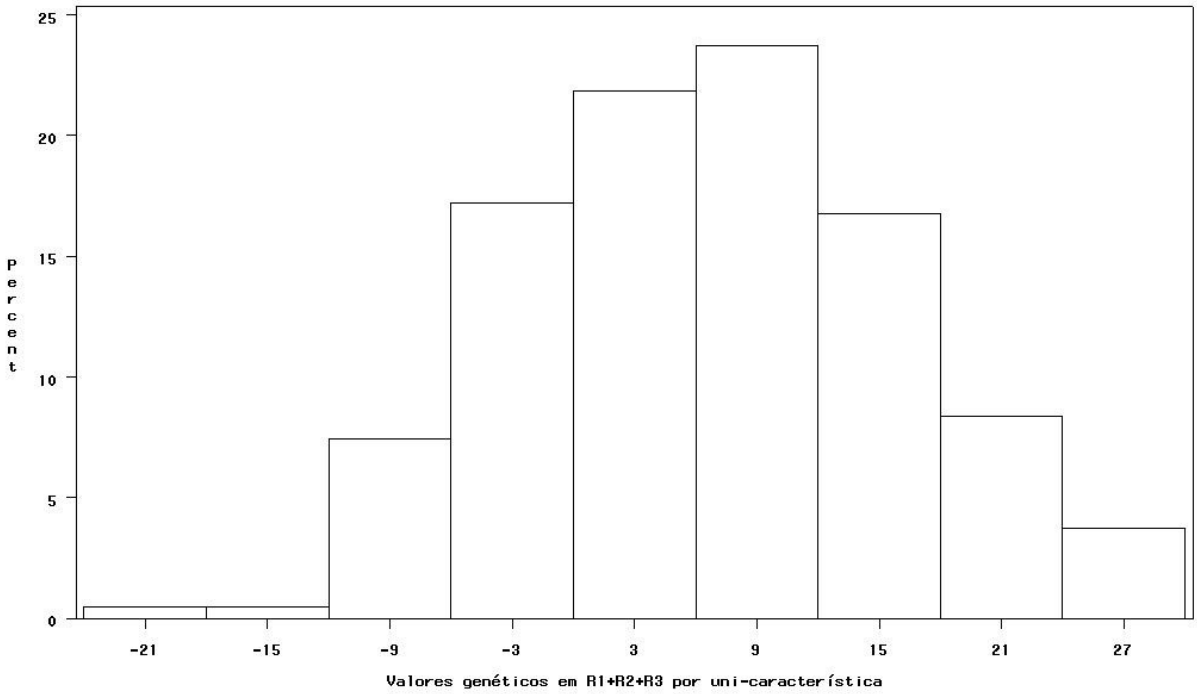
APÊNDICE L

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para ganho de peso da desmama, ao sobreano obtidos na análise tri-característica envolvendo R1, R2 e R3 e na análise uni-característica para o rebanho completo (R1+R2+R3).



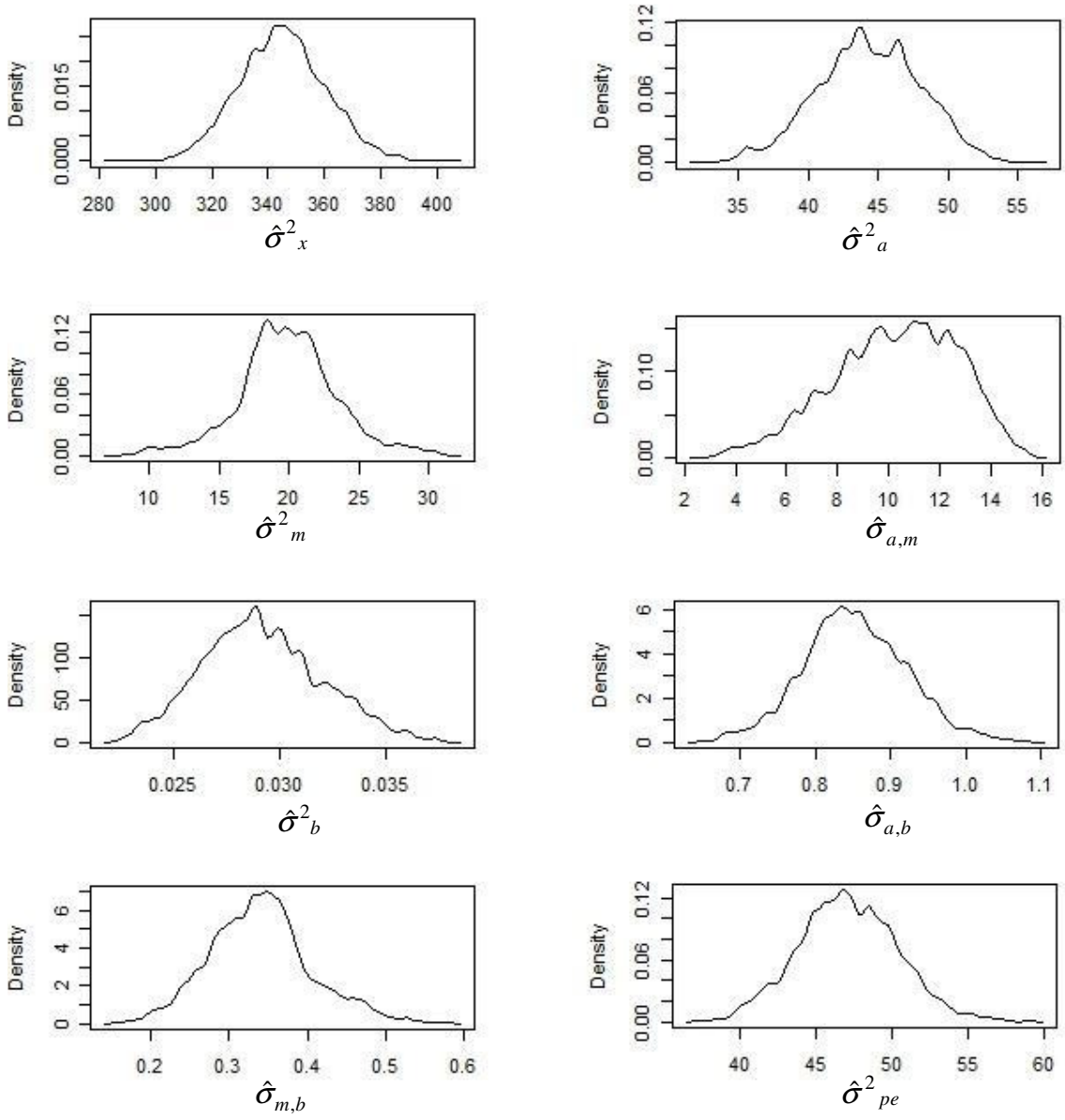


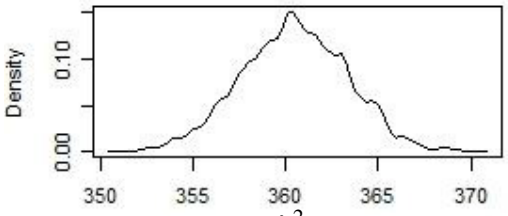

25
20
15
10
5
0
percent
-15
-9
-3
3
9
15
21
27
33
39
Valores genéticos em R3 por análise tri-característica


25
20
15
10
5
0
percent
-21
-15
-9
-3
3
9
15
21
27
Valores genéticos em R1+R2+R3 por uni-característica

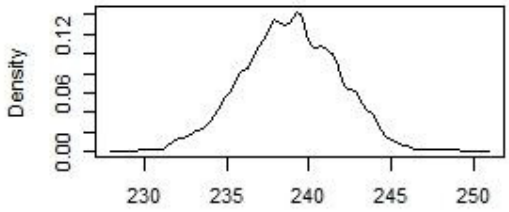
APÊNDICE M

Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso à desmama via normas de reação

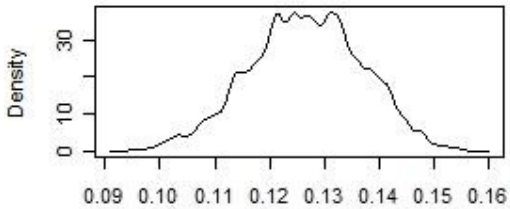




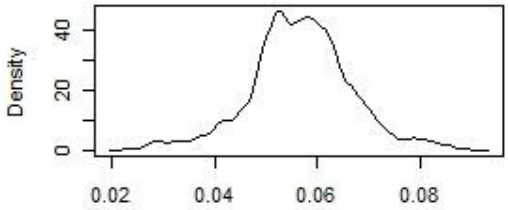
$\hat{\sigma}^2{}_p$



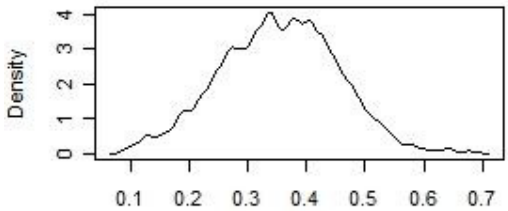
$\hat{\sigma}^2{}_e$



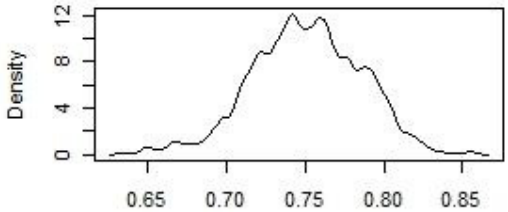
$\hat{h}_a{}^2$



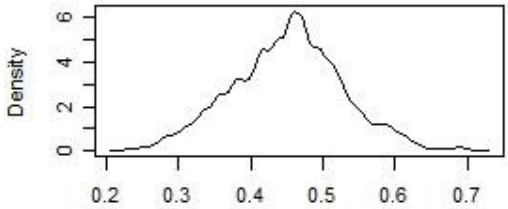
$\hat{h}_m{}^2$



$\hat{r}_{a,m}$



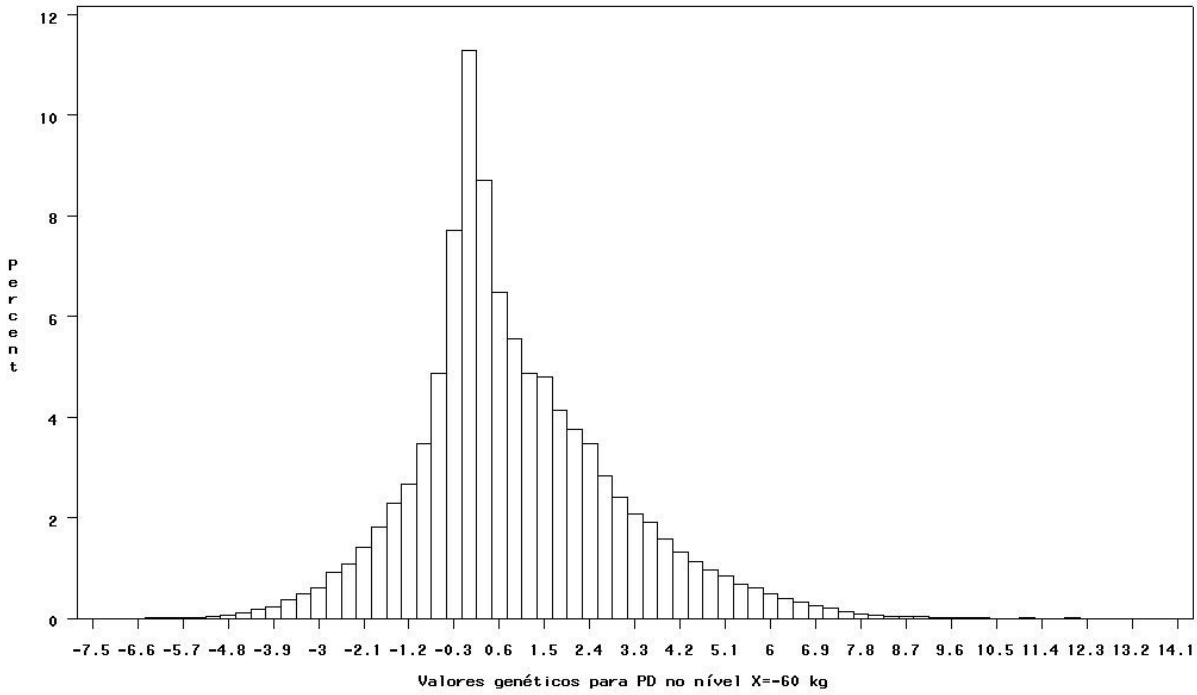
$\hat{r}_{a,b}$

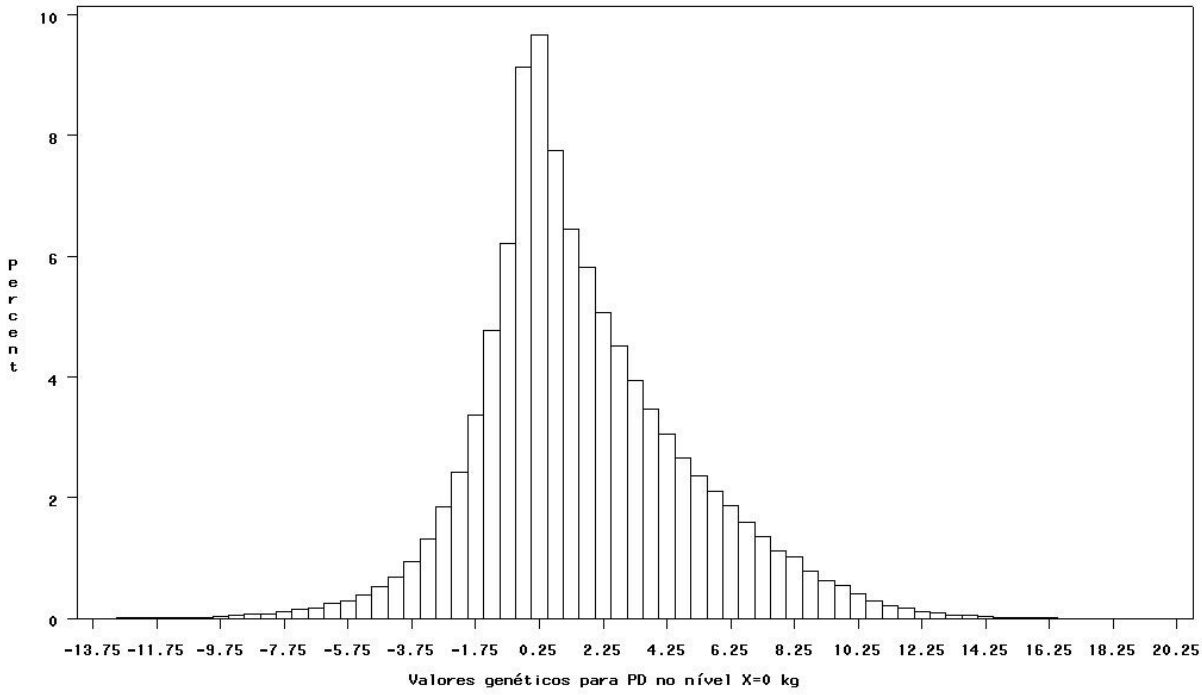


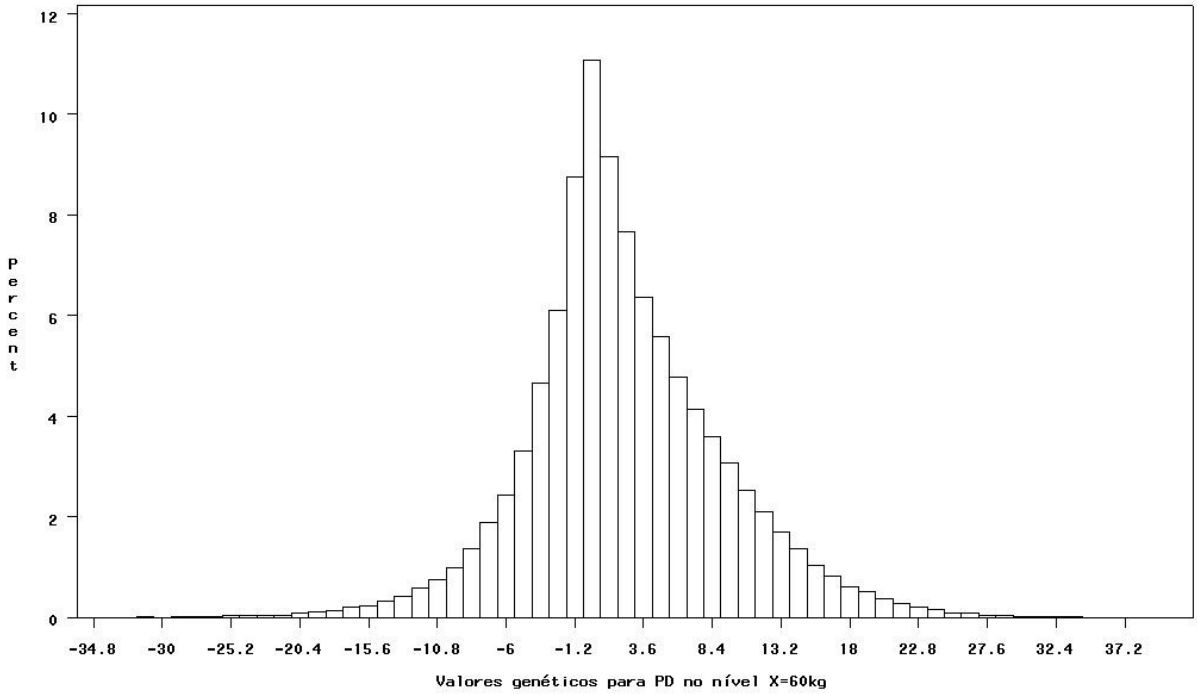
$\hat{r}_{m,b}$

APÊNDICE N

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para peso à desmama nos níveis ambientais X=-60 kg, X=0 kg e X=60 kg obtidos via normas de reação

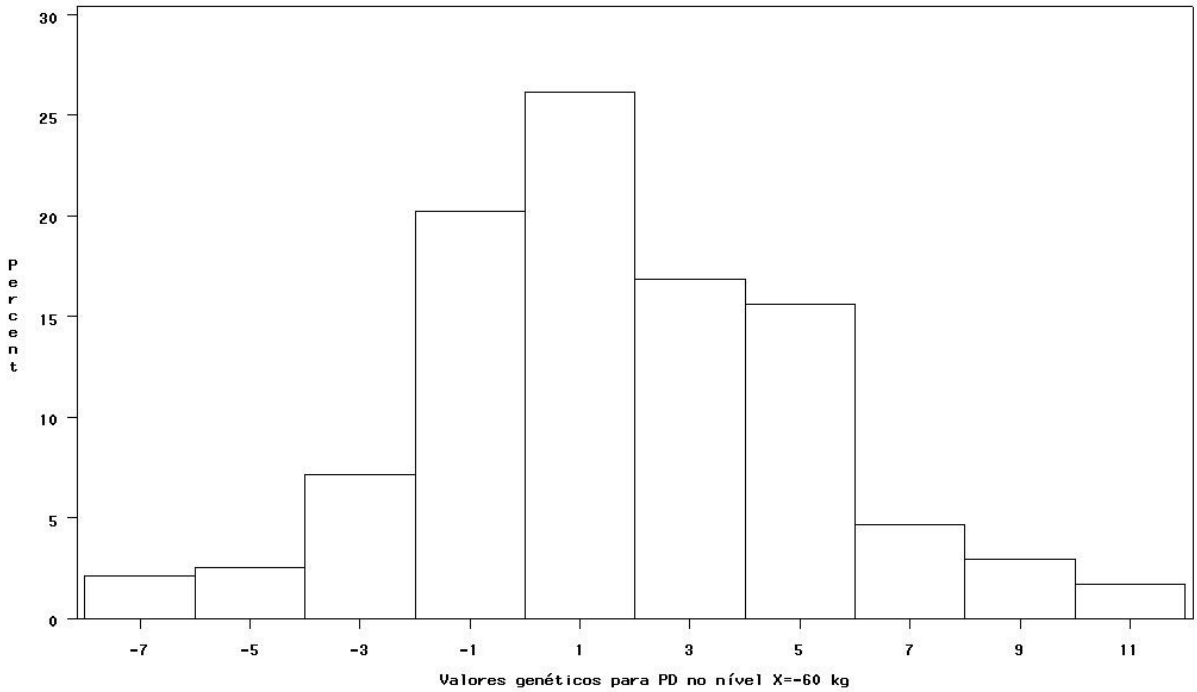


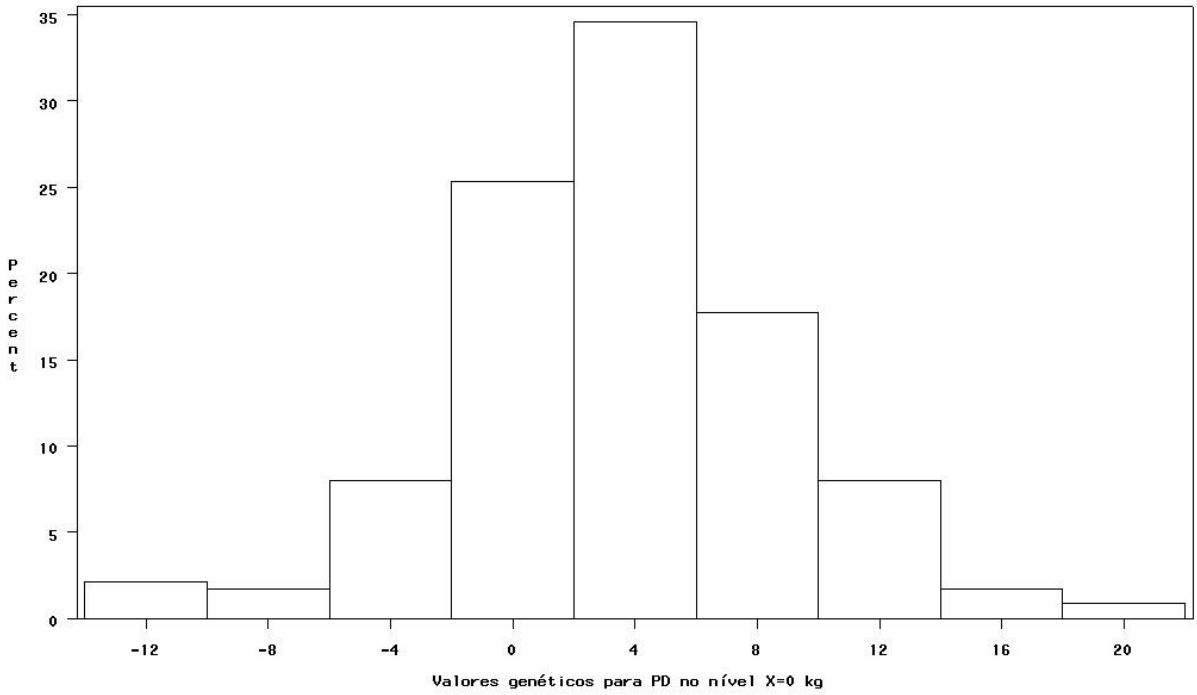


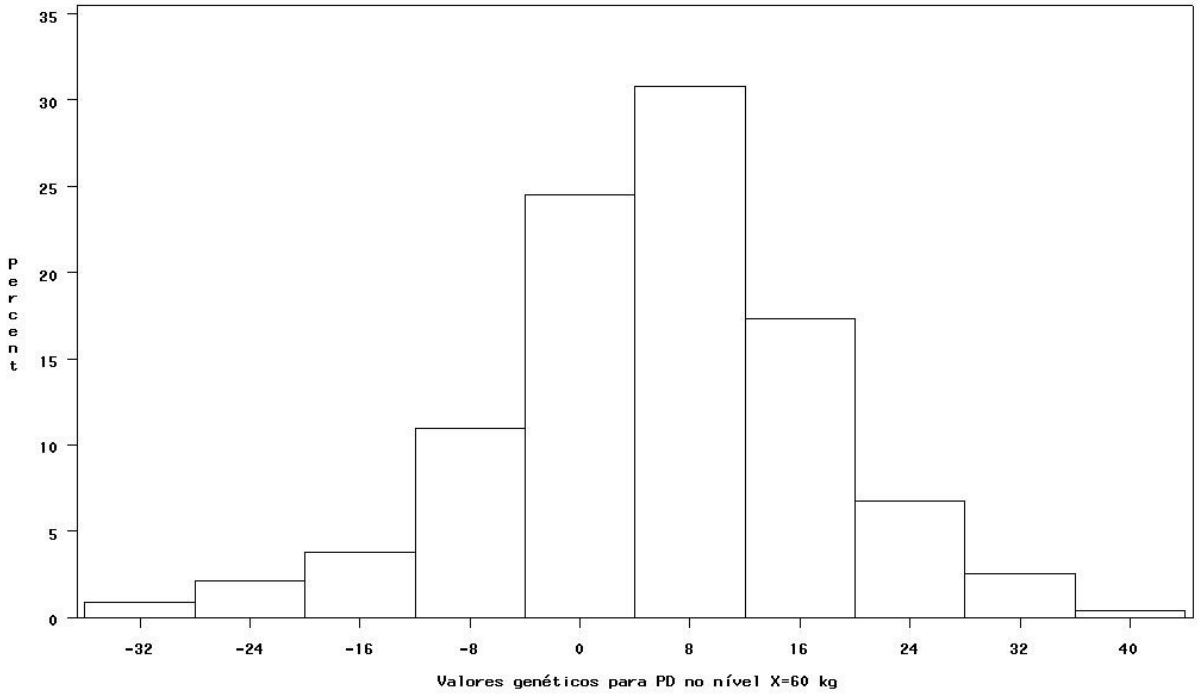

Percent
0
2
4
6
8
10
12
-34.8
-30
-25.2
-20.4
-15.6
-10.8
-6
-1.2
3.6
8.4
13.2
18
22.8
27.6
32.4
37.2
Valores genéticos para PD no nível X=60kg

APÊNDICE O

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para peso à desmama nos níveis ambientais X=-60 kg, X=0 kg e X=60 kg obtidos via normas de reação

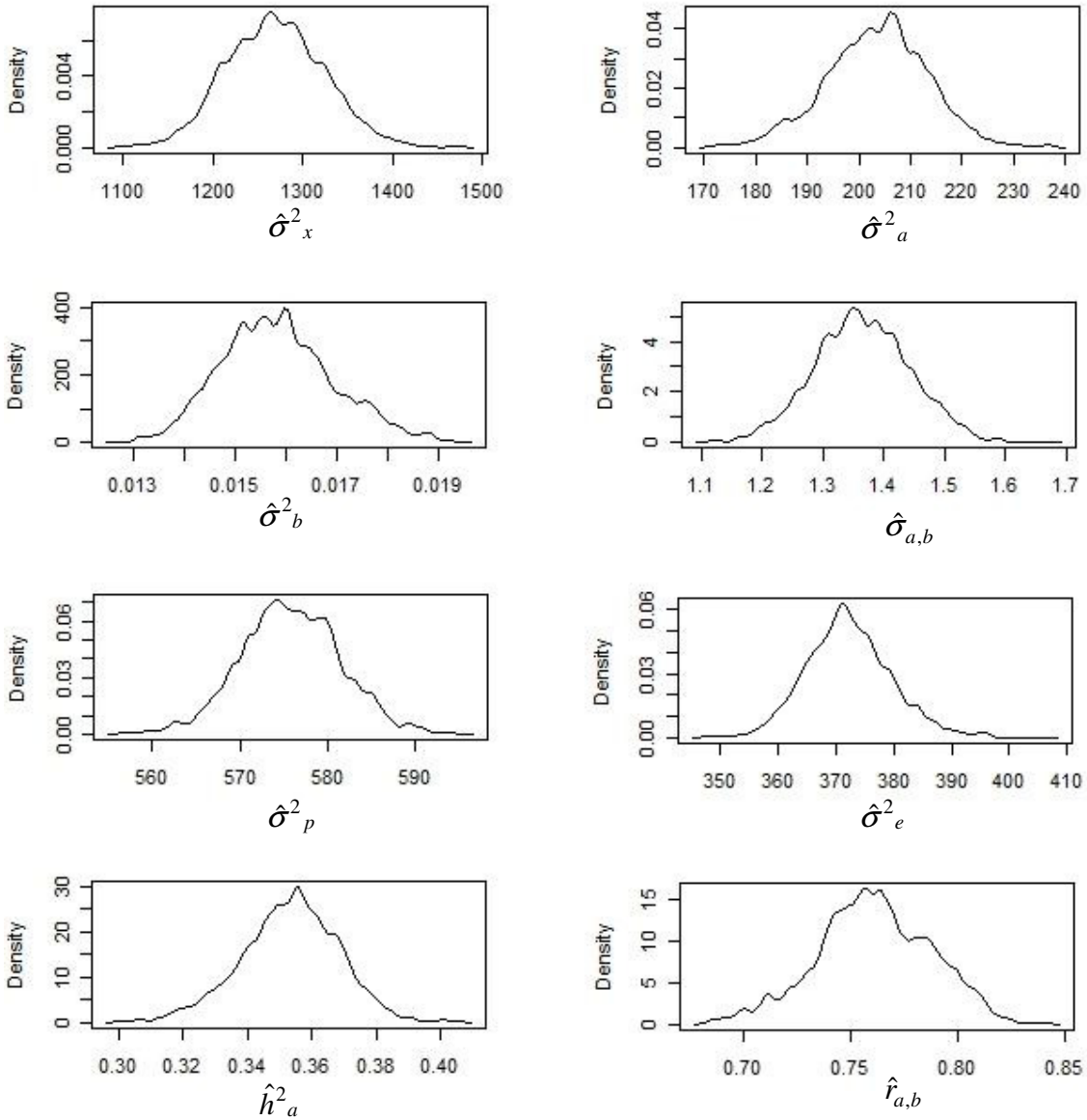





35
30
25
20
15
10
5
0
Percent
-32
-24
-16
-8
0
8
16
24
32
40
Valores genéticos para PD no nível X=60 kg

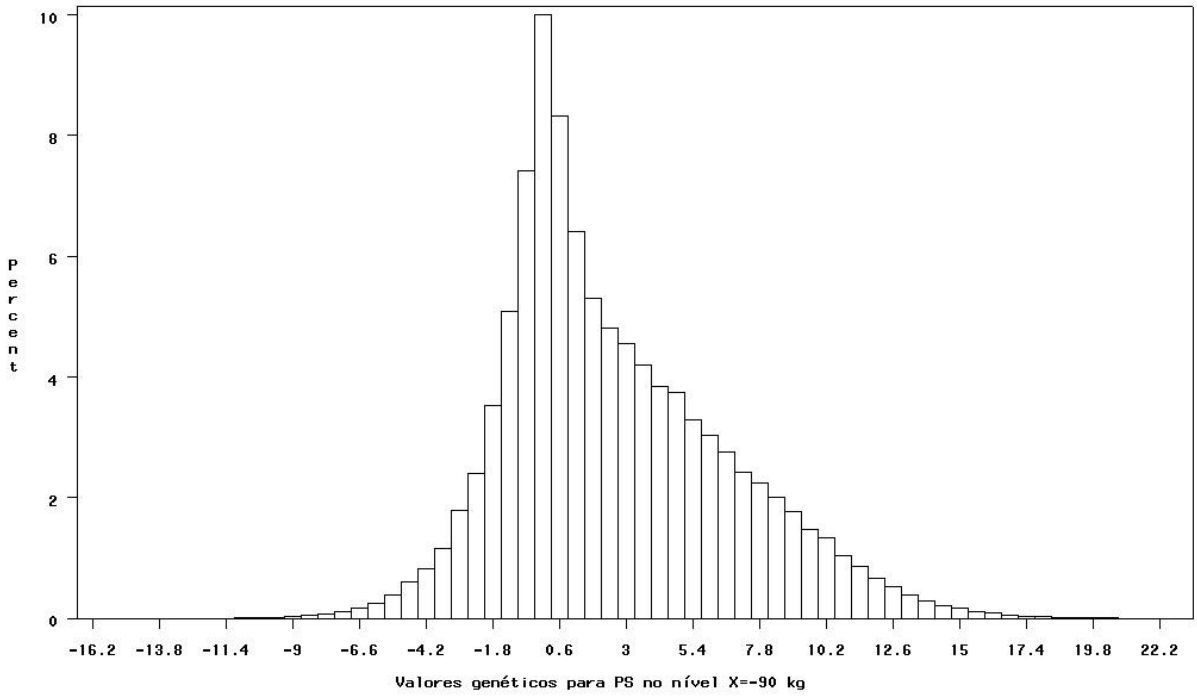
APÊNDICE P

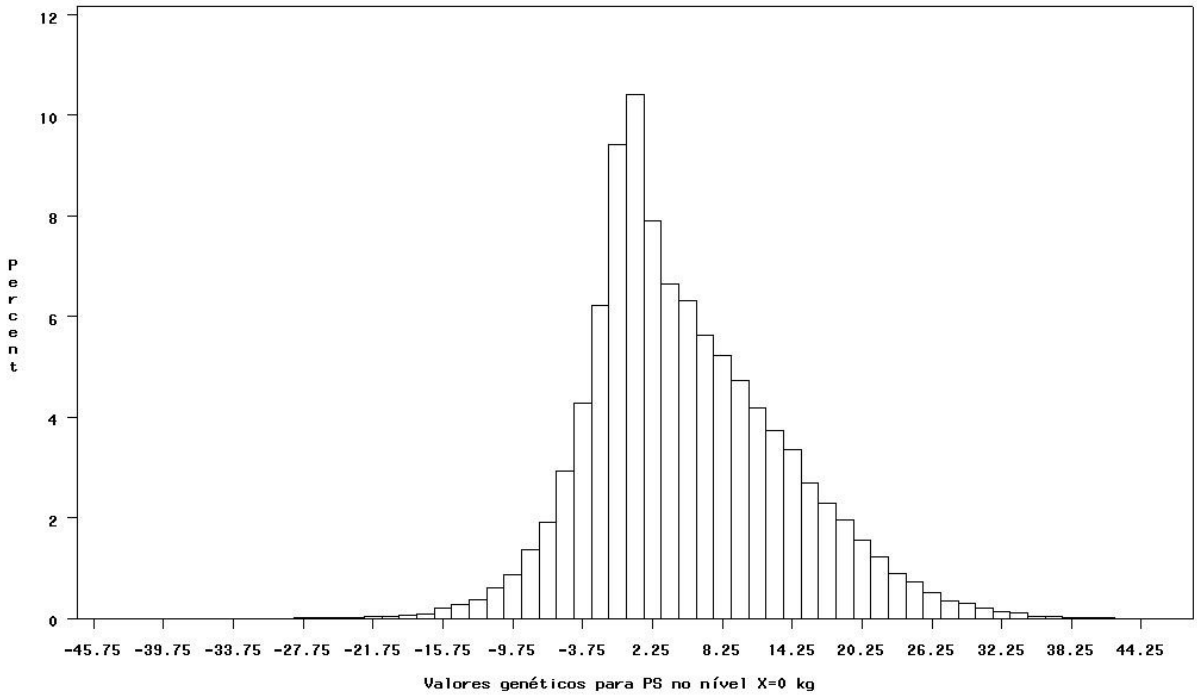
Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para peso ao sobreano via normas de reação

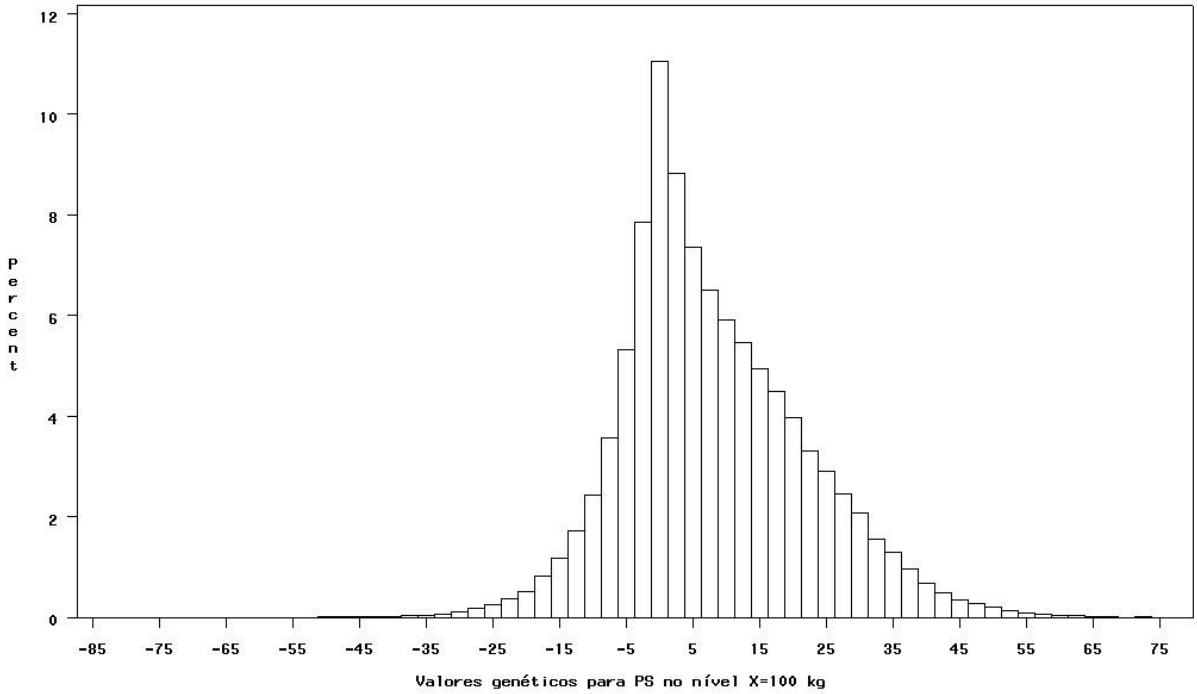


APÊNDICE Q

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para peso ao sobreano nos níveis ambientais X=-90 kg, X=0 kg e X=100 kg obtidos via normas de reação

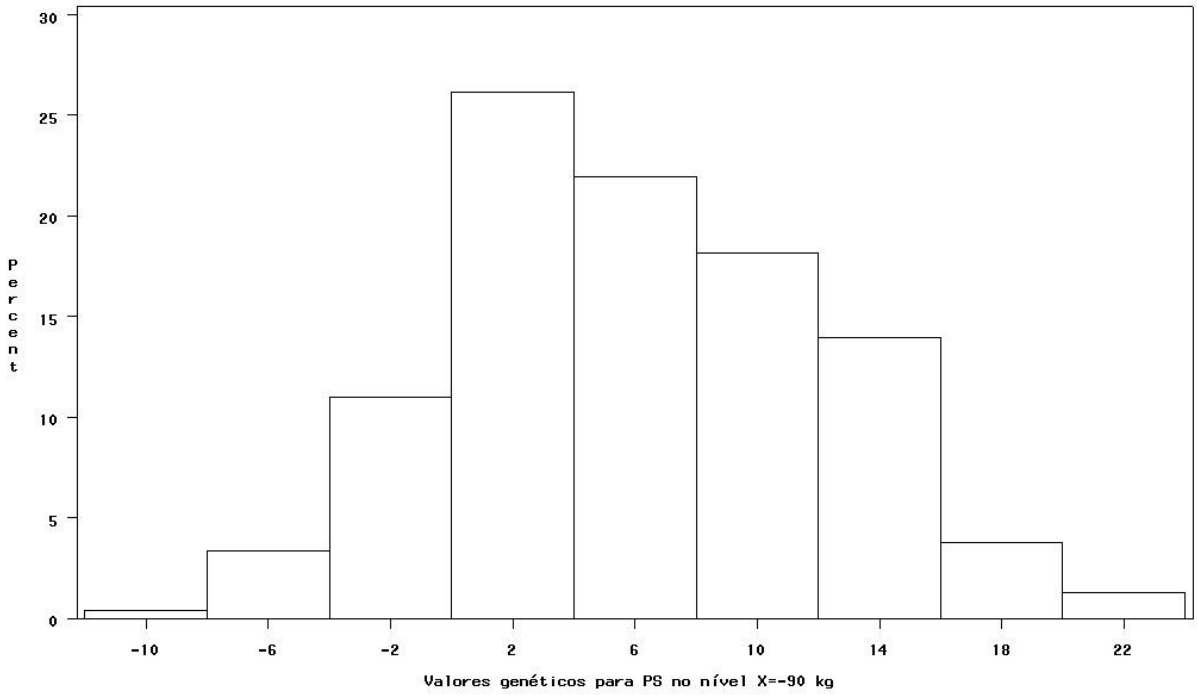


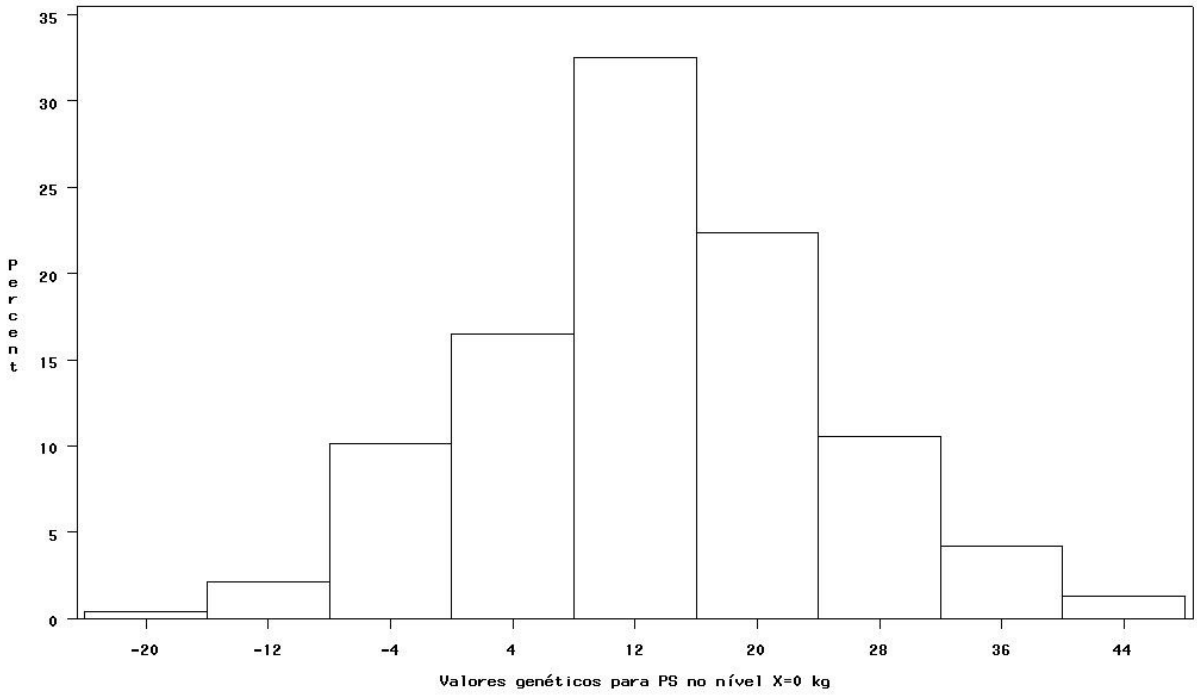


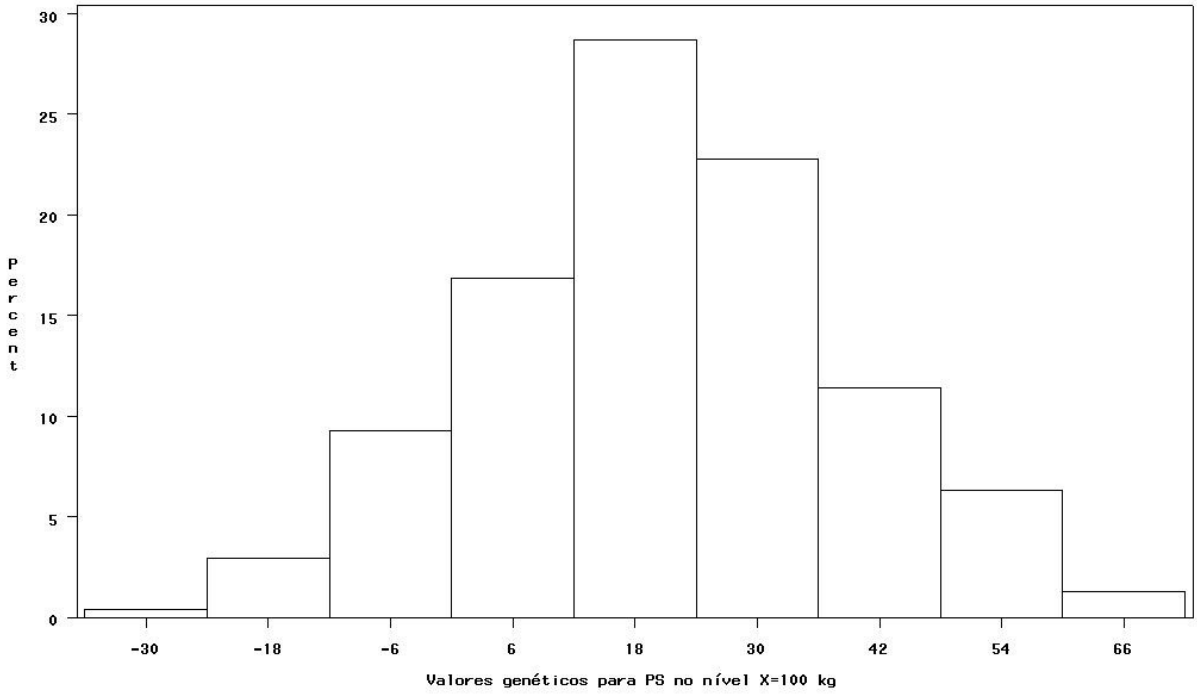

Percent
0
2
4
6
8
10
12
-85
-75
-65
-55
-45
-35
-25
-15
-5
5
15
25
35
45
55
65
75
Valores genéticos para PS no nível X=100 kg

APÊNDICE R

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para peso ao sobreano nos níveis ambientais X=-90 kg, X=0 kg e X=100 kg obtidos via normas de reação

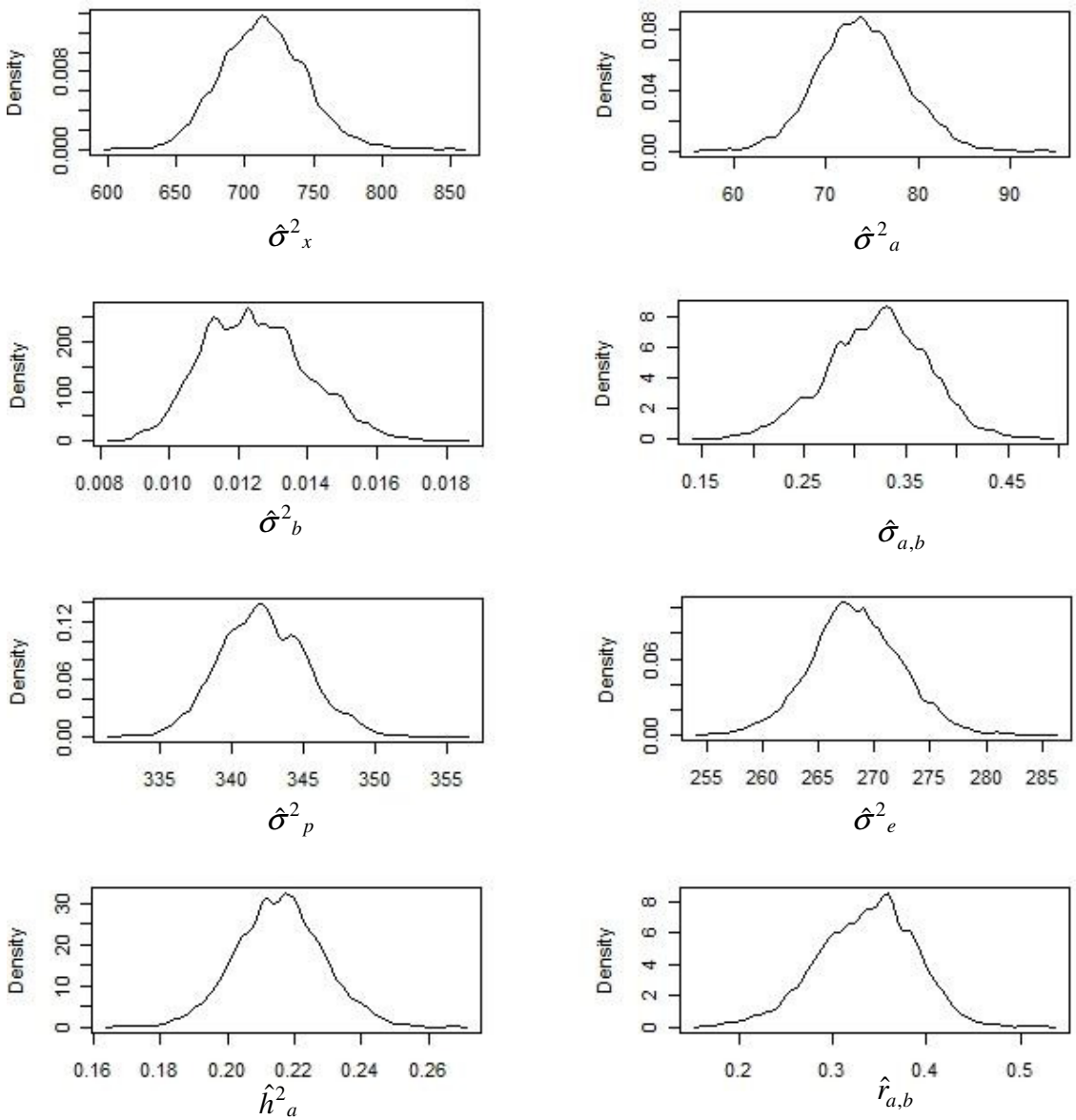





30
25
20
15
10
5
0
Percent
-30
-18
-6
6
18
30
42
54
66
Valores genéticos para PS no nível X=100 kg

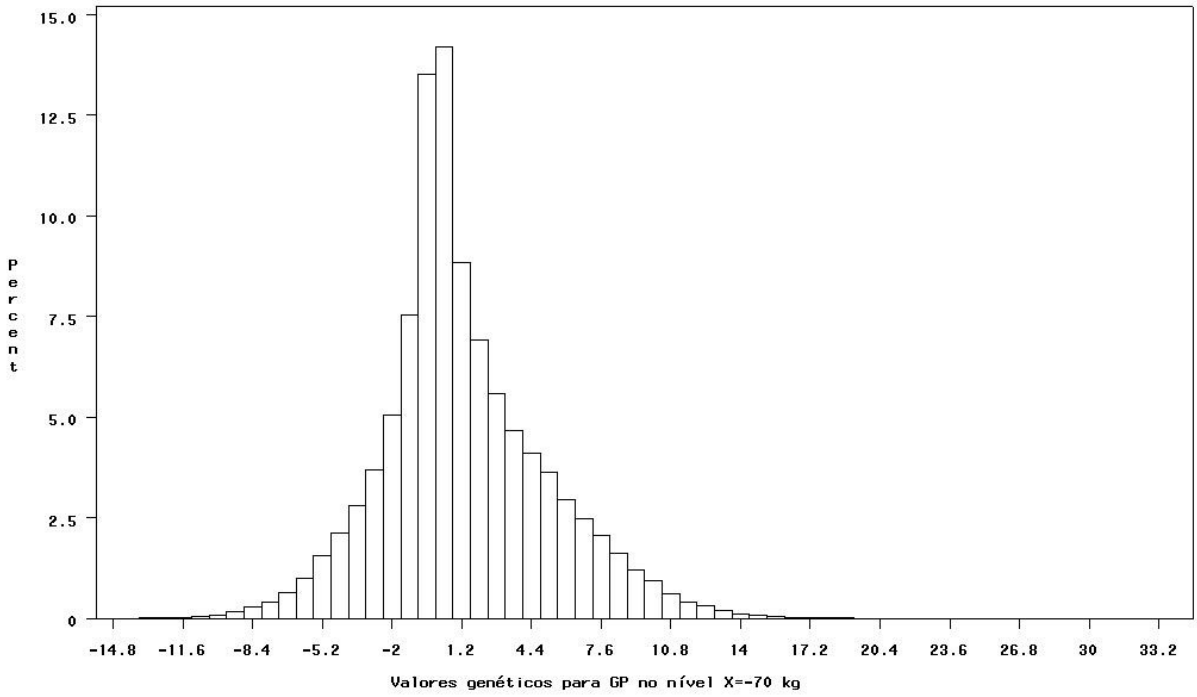
APÊNDICE S

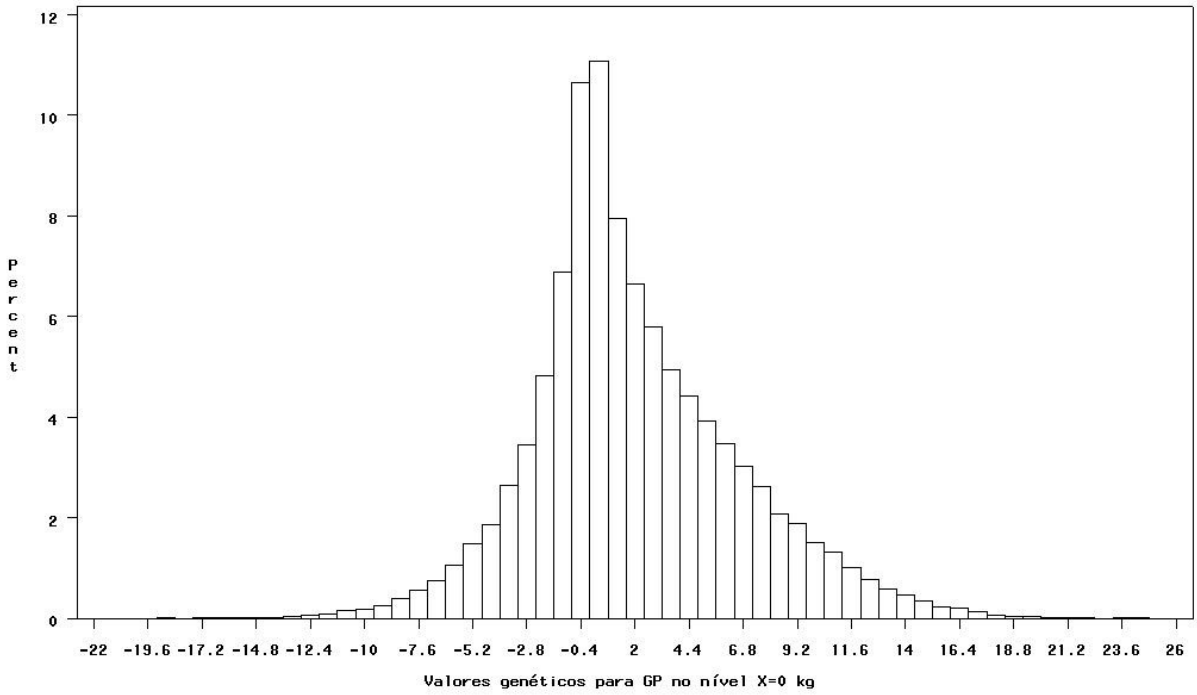
Densidades das distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para ganho de peso da desmama ao sobreano via normas de reação

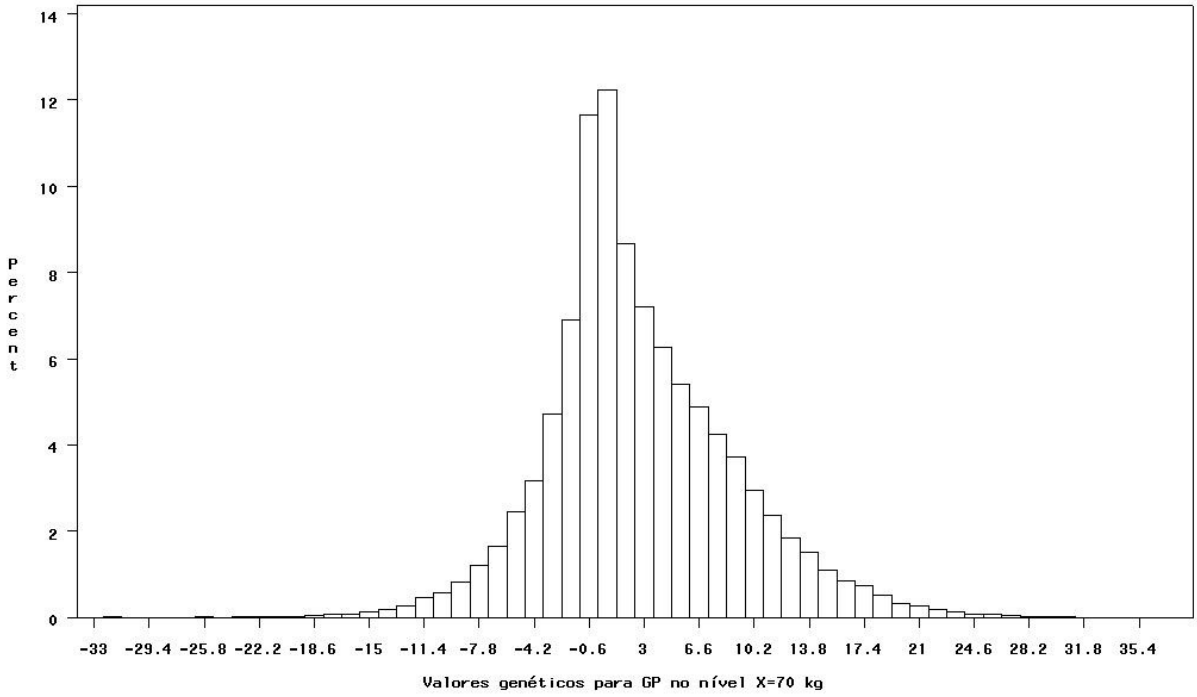


APÊNDICE T

Histogramas dos valores genéticos de todos os animais para ganho de peso da desmama ao sobreano nos níveis ambientais X=-70 kg, X=0 kg e X=70 kg obtidos via normas de reação

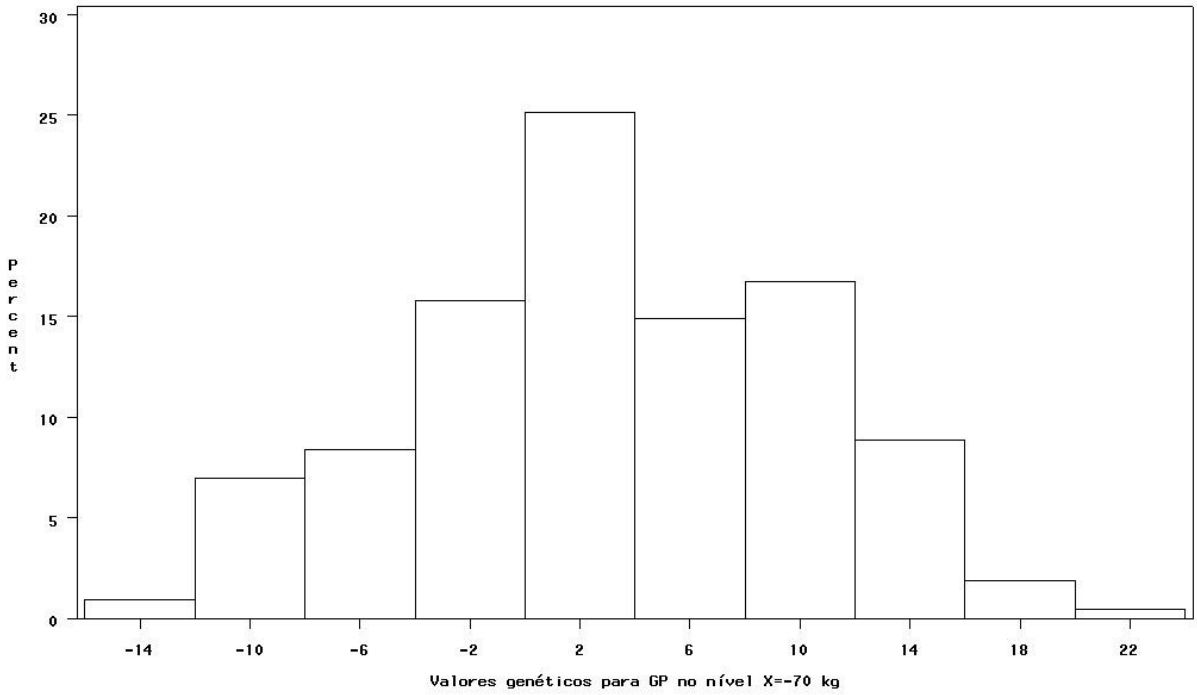


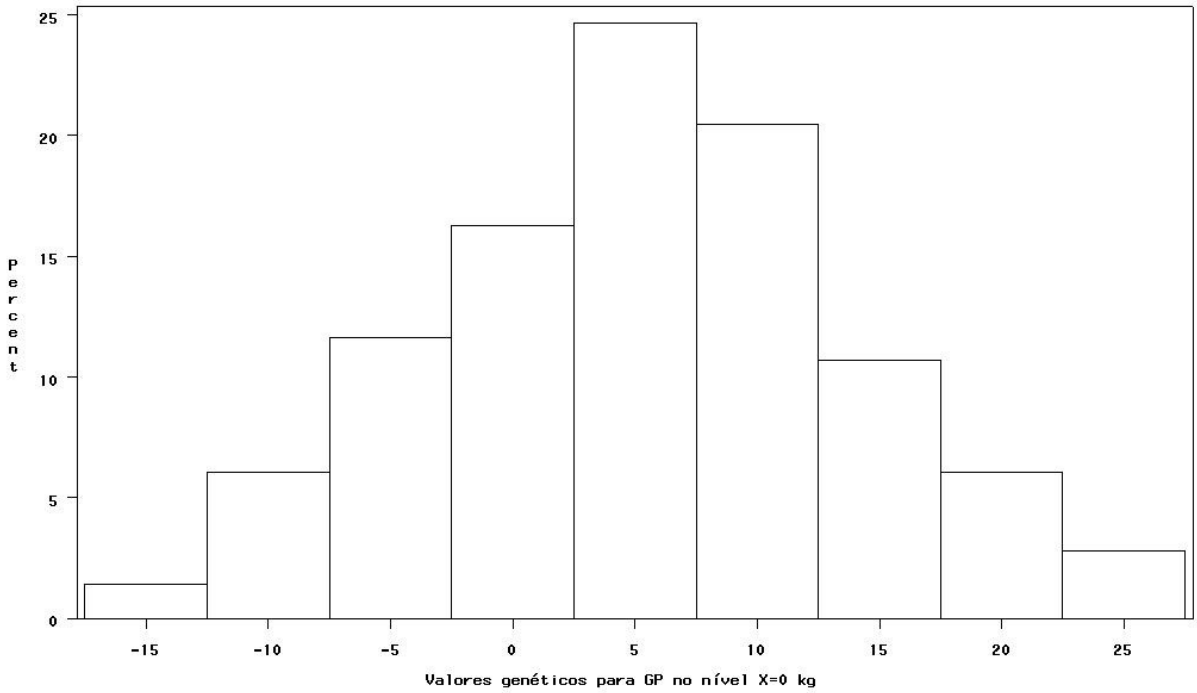


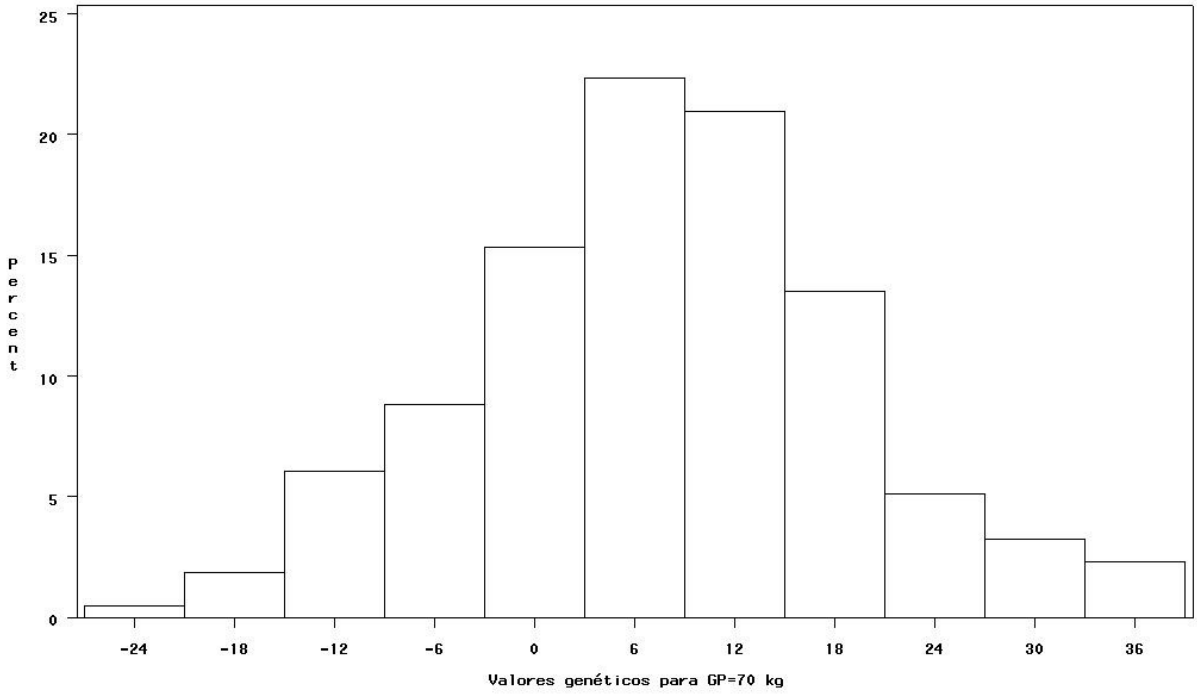

Percent
0
2
4
6
8
10
12
14
-33 -29.4 -25.8 -22.2 -18.6 -15 -11.4 -7.8 -4.2 -0.6 3 6.6 10.2 13.8 17.4 21 24.6 28.2 31.8 35.4
Valores genéticos para GP no nível X=70 kg

APÊNDICE U

Histogramas dos valores genéticos de todos os touros para ganho de peso da desmama ao sobreano nos níveis ambientais X=-70 kg, X=0 kg e X=70 kg obtidos via normas de reação






25
20
15
10
5
0
Percent
-24
-18
-12
-6
0
6
12
18
24
30
36
Valores genéticos para GP=70 kg