

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

MÁRIO LUIZ SANTANA JÚNIOR

INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE EM BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS

Pirassununga

2011

MÁRIO LUIZ SANTANA JÚNIOR

Interação genótipo-ambiente em bovinos de corte compostos

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
(Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo)

Co-orientador: Dr. Fernando Flores Cardoso
(Embrapa Pecuária Sul)

Pirassununga

2011

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Serviço de Biblioteca e Informação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos
da Universidade de São Paulo

S232i

Santana Júnior, Mário Luiz

Interação genótipo-ambiente em bovinos de corte compostos. / Mário Luiz Santana Júnior. -- Pirassununga, 2011.

102 f.

Tese (Doutorado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo.

Departamento de Ciências Básicas.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.

1. Análise de agrupamento 2. Correlação genética
3. Bovino de corte composto 4. Interação genótipo ambiente 5. Norma de reação. I. Título.

APRESENTAÇÃO

Mário Luiz Santana Júnior, filho de Mário Luiz Santana e de Janice Claret de Freitas Santana, nasceu na cidade de Itaúna, no estado de Minas Gerais, em 10 de julho de 1982. Coursou parte do ensino fundamental no Centro Educacional Amazonas (CEDAM), localizado na cidade de Contagem-MG. No ano de 1992 continuou seus estudos em Itaúna, onde concluiu o ensino fundamental no ano de 2000. Durante este período estudou tanto em escola pública (Escola Estadual Augusto Gonçalves, Escola Estadual Gonçalves de Melo e Escola Estadual de Itaúna) quanto privada (Colégio Sant'Ana). Em maio de 2002 ingressou no curso de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), localizada em Viçosa-MG. Obteve o título de Zootecnista em março de 2007. Em abril de 2007, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, na área de Melhoramento Genético Animal também na UFV, sob orientação do prof. Dr. Paulo Sávio Lopes. Em janeiro de 2009 obteve o título de Mestre em Zootecnia. Neste mesmo ano iniciou o curso de Doutorado na Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (FZEA-USP), localizada na cidade de Pirassununga-SP, sob orientação do prof. Dr. Joanir Pereira Eler. Em dezembro de 2010 foi aprovado para o cargo de professor efetivo da Universidade Federal de Mato Grosso – Campus Universitário de Rondonópolis (UFMT-CUR). Em março de 2011 tomou posse na mesma instituição, tornando-se responsável por disciplinas na área de Estatística e Melhoramento Genético Animal. Em 2011 apresentou-se para a defesa de tese na FZEA-USP.

Dedico

Aos meus pais Mário e Janice que sempre me incentivaram e lutaram muito para que eu chegasse até aqui. Deram-me educação, atenção, amor e carinho. Foram realmente a base de tudo.

Ao meu irmão Jônatas, que mesmo distante, sempre se fez presente em minha vida.

Ao meu avô paterno Osmário (in memoriam) que mesmo no curto período de tempo em que convivemos ensinou-me muitas coisas, dentre elas o amor aos animais.

A Annaiza, pessoa tão especial e companheira, que sempre me deu todo amor, apoio, incentivo e carinho.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida.

Aos meus pais Mário e Janice, por ser exemplo para mim. Por toda a dedicação a mim durante todos esses anos. Pelo amor incondicional. Pelo esforço. Por sempre me colocarem como uma prioridade em suas vidas.

Ao meu irmão Jônatas, pessoa muito especial. Pelos bons momentos.

À Annaiza Braga Bignardi, pelo amor que me tem, pelo carinho e atenção. Por estar sempre ao meu lado, lutando a cada dia, seja esse dia ruim ou bom. Compartilhando sonhos e planos. Pela paciência e compreensão. Por ser essa pessoa incrível que a cada dia me surpreende.

Ao Prof. Dr. Joanir Pereira Eler, por ser primeiramente um grande amigo. Pela acolhida em Pirassununga, que sem o seu esforço não seria possível a minha permanência nesta cidade. Por realmente ter acreditado em mim e ter me dado a oportunidade de trabalhar ao seu lado. Pelo exemplo e todos os ensinamentos. Muito obrigado.

Ao Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz por ter me apoiado desde meu primeiro dia em Pirassununga. Por ter me ajudado nos momentos mais difíceis. Pelos ensinamentos e oportunidades. Por ter sempre me recebido de portas abertas.

À Elisângela Chicaroni pela amizade e todo o suporte para a realização deste estudo.

À amiga Priscila, pela confiança e apoio. A todos do GMAB da FZEA: Adalfredo Rocha, Fernanda Rezende, Jane Lara, Marina Bonin, Diego Cucco, Rachel Bueno, Júlio Balieiro, César Lima, Rodrigo, Miguel, Victor, Mirele, Alessandra, Roulber, Francisco. Pelos bons momentos e amizade.

A todos os amigos da pós-graduação da FZEA-USP pelo convívio.

Ao amigo Saulo dos Reis e família pela acolhida em Pirassununga. Por ter aberto as portas de sua casa para mim. Por ter cuidado tão bem do Hércules quando eu não pude.

Aos amigos da república Pantaneira: Saquê, Boi, Tarja, João e Sergay. Pelo convívio e momentos de descontração.

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

À FZEA-USP pela estrutura que permitiu a realização deste estudo.

À profª Drª Lúcia Galvão de Albuquerque por ter aberto as portas da UNESP-Jaboticabal para que parte deste trabalho fosse concluída. Pelos ensinamentos, amizade e oportunidade.

Ao prof. Dr. Humberto Tonhati pela confiança, apoio e oportunidade.

Ao grande amigo e irmão Rodrigo Junqueira Pereira, por todo o apoio, pela amizade verdadeira desde os primeiros dias de graduação na UFV. Por sempre estar ao meu lado tanto nos bons momentos quanto nos momentos nem tão bons assim... Pelos inúmeros momentos de descontração, boas discussões sobre Melhoramento Animal e também sobre nossos *hobbies* Gir Leiteiro e Pássaros. Valeu!

Aos amigos da UNESP-Jaboticabal: Arione, Fábio e Denise. Por todos os excelentes momentos vividos, compartilhados e pelo apoio. A todos os amigos da “salinha” do Melhoramento Animal: Fernando, Luciana, Ana Paula, Luís, Diogo, Raul e Tomás pela ajuda, amizade e convívio.

A todos aqueles que de forma direta ou indireta, contribuíram para minha trajetória.

EPÍGRAFE

*É preciso muita fibra para chegar às alturas e, ao mesmo tempo,
muita flexibilidade para se curvar ao chão.*

(autor desconhecido)

RESUMO

SANTANA Jr., M.L. **Interação genótipo-ambiente em bovinos de corte compostos**. 2011. 102 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

Objetivou-se com o presente estudo foram caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos de corte compostos no Brasil com relação às variáveis climáticas e geográficas, utilizando técnicas exploratórias multivariadas. Verificar a presença de interação genótipo-ambiente (GxE) nas características peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), perímetro escrotal (PE) e musculosidade (MUS). Pela análise de agrupamento não-hierárquico foram agrupadas as regiões similares com relação às variáveis ambientais. Foram formados seis grupos de fazendas. A inclusão do efeito de interação touro-grupo foi avaliada em análises uni-característica. Comparou-se um modelo com o efeito de interação touro-grupo com outro sem esse efeito. Incluir o efeito de interação touro-GEO no modelo de avaliação genética do PN, PD e PE não resultou melhor ajuste aos dados, no entanto não deve ser descartada a hipótese de se considerar outros tipos de efeitos de GxE. Foram estimados parâmetros genéticos por meio de análises multi-característica, considerando-se a mesma característica como diferente em cada grupo de fazendas. Foi verificada heterogeneidade de variância para todas as características. Os coeficientes de herdabilidade nos grupos de fazendas para PN, PD, GP, PE e MUS variaram de 0,15 a 0,25; 0,16 a 0,25; 0,10 a 0,20; 0,17 a 0,31 e 0,17 a 0,24, respectivamente. As correlações genéticas variaram de 0,19 a 0,90 para PN, -0,02 a 0,92 para PD, 0,31 a 0,93 para GP, 0,64 a 0,89 para PE e de 0,18 a 0,80 para MUS nos grupos fazendas. As diferentes estimativas de herdabilidade obtidas entre grupos de fazendas implicam resposta à seleção diferenciada conforme o ambiente em que os animais são criados e selecionados. Pelas correlações genéticas entre as características nas diversas regiões, constatou-se GxE, indicando que os melhores reprodutores para uma determinada região não são sempre os mesmos para as demais. Um modelo hierárquico de norma de reação sob abordagem Bayesiana também foi utilizado para estimação dos componentes de variância, parâmetros genéticos e verificação da existência de GxE. Os gradientes ambientais baseados nas soluções para o efeito de grupo de contemporâneos para PN, PD, GP e PE foram -6,45 a +4,75 kg, -65 a +65 kg, -72 a +112 kg e -6.5 a +5.5 cm, respectivamente. As estimativas de herdabilidade foram crescentes no

gradiente ambiental, PN (0,04 a 0,55), PD (0,39 a 0,47), GP (0,01 a 0,43) e PE (0,21 a 0,23). A correlação entre o nível e a inclinação da norma de reação para PN e GP foi de alta magnitude, indicando que os animais de maior valor genético médio foram os que apresentaram maior resposta à melhoria das condições ambientais, caracterizando o efeito de escala da GxE. Para PD e PE, a correlação entre intercepto e inclinação foi baixa implicando reclassificação dos animais em ambientes diferentes. O modelo hierárquico de normas de reação foi útil para descrever alterações nos componentes de variância decorrentes do ambiente e para descrever a presença de GxE nas características estudadas de bovinos compostos. Existe variação genética com respeito à sensibilidade dos animais, o que possibilita a seleção de genótipos mais plásticos ou mais robustos.

Palavras-chave: análise de agrupamento, correlação genética, bovino de corte composto, interação genótipo ambiente, norma de reação

ABSTRACT

SANTANA Jr., M.L. **Genotype-environment interaction in composite beef cattle**. 2011. 102 f. PhD. Thesis - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

The objectives of this study were to characterize and define homogenous production environments of composite beef cattle in Brazil in terms of climatic and geographic variables using multivariate exploratory techniques; to evaluate the presence of genotype by environment interaction (GxE) for birth weight (BW), weaning weight (WW), postweaning gain (PWG), scrotal circumference (SC) and muscling. Nonhierarchical cluster analysis was used to group farms located in regions with similar environmental variables into clusters. Six clusters of farms were formed. The effect of sire-cluster interaction was tested by single-trait analysis. The inclusion of sire-cluster interaction in the genetic evaluation model may not result in better fit to the data for BW, WW and SC. Genetic parameters were estimated by multiple-trait analysis considering the same trait to be different in each cluster. The heritability coefficient in the clusters for BW, WW, PWG, SC and muscling ranged from 0.15 to 0.25; 0.16 to 0.25; 0.10 to 0.20; 0.17 to 0.31 and 0.17 to 0.24, respectively. The genetic correlations ranged from 0.19 to 0.90 for BW, -0.02 to 0.92 for WW, 0.31 to 0.93 for PWG, 0.64 a 0.89 for SC and 0.18 to 0.80 for muscling in the clusters of farms. The different heritability estimates between groups of farms indicates that the response to selection varies with the environment in which animals are selected. The low genetic correlations between traits in the different regions demonstrated the presence of GxE, indicating that the best sires in a certain region are not the same for the other regions. A reaction norm hierarchical model using Bayesian approach was also used for estimation of variance components, genetic parameters and to verify the existence of GxE. Environmental gradients based in solutions for the effect of contemporary groups for BW, WW, PWG and SC were -6.45 to +4.75 kg, -65 kg to +65, -72 to +112 kg and -6.5 to +5.5 cm, respectively. Heritability estimates were increasing in the environmental gradient, BW (0.04 to 0.55), WW (0.39 to 0.47), PWG (0.01 to 0.43) and SC (0.21 to 0.23). The correlation between the level and slope of reaction norm for BW and PWG was of high magnitude, indicating that animals of higher average breeding value were the ones which presented a best response to environmental improvement, characterizing a scale effect on GxE. For WW and SC, the correlation between

intercept and slope was low implying reranking of animals in different environments. The reaction norm hierarchical model has been useful to describe changes in the variance components due to the environment and to describe the presence of GxE traits in composite beef cattle. There is genetic variation with respect to the sensitivity of the animals, which enables the selection of genotypes most plastics or more robust.

Keywords: cluster analysis, composite beef cattle, genetic correlation, genotype by environment interaction, reaction norm

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA.....	13
OBJETIVOS.....	14
REVISÃO DE LITERATURA.....	14
REFERÊNCIAS.....	23
CAPÍTULO 1. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS EM DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL.....	28
RESUMO.....	28
INTRODUÇÃO.....	29
MATERIAL E MÉTODOS.....	30
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
CONCLUSÕES.....	52
REFERÊNCIAS.....	52
CAPÍTULO 2. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE E PROSPECÇÃO DE MELHORES COMPOSIÇÕES RACIAIS DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PÓS-DESMAMA EM DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL.....	57
RESUMO.....	57
INTRODUÇÃO.....	58
MATERIAL E MÉTODOS.....	59
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	62
CONCLUSÕES.....	76
REFERÊNCIAS.....	76
CAPÍTULO 3. SENSIBILIDADE AMBIENTAL DO DESEMPENHO DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS VIA NORMAS DE REAÇÃO.....	82
RESUMO.....	82
INTRODUÇÃO.....	82
MATERIAL E MÉTODOS.....	83
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	86

CONCLUSÕES.....	99
REFERÊNCIAS.....	99

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

A variação das características economicamente importantes nos bovinos é em parte controlada por um componente genético. A expressão genética destas características está sob controle de grande número de genes que constituem o genótipo do indivíduo, em que os efeitos aditivos dos genes individualmente são pequenos (COSTA, 2001). O modelo básico do desempenho animal define a expressão fenotípica do caráter na soma dos efeitos genético e de ambiente e da interação entre eles. A interação genótipo-ambiente (GxE) é observada quando diferenças fenotípicas entre diferentes genótipos são desiguais de um ambiente para outro.

A identificação da GxE é importante no âmbito da verificação de diferenças entre os ambientes de seleção e produção, o que pode implicar desempenho diferenciado e, portanto, obter resposta realizada pela seleção inferior àquela potencialmente esperada.

No entanto, nos métodos estatísticos de avaliação pode-se admitir a mesma variância ambiental entre grupos de genótipos comparados e também admitir que diferenças específicas de ambiente tenham o mesmo efeito sobre os genótipos, desconsiderando o componente de variação de GxE, que pode ser responsável por parte da variação fenotípica. Desta forma, os programas de melhoramento delineados para melhorar o desempenho dos animais em diferentes ambientes não devem ignorar a possibilidade da GxE.

Os sistemas de produção de bovinos de corte do Brasil são heterogêneos, não apresentando um padrão de exploração. Esta característica pode, em parte, ser explicada por fatores culturais e pela extensão territorial do país. O Brasil possui uma grande diversidade ambiental, portanto, é essencial investigar a presença do componente de GxE no desempenho de animais, visando incluir esta fonte de variação nas avaliações genéticas, se confirmada sua presença, para contribuir para o aumento da acurácia de predição e melhorar a eficiência dos programas de seleção de bovinos de corte.

Os bovinos compostos são hoje uma alternativa para a pecuária de corte que pode aumentar de maneira rápida a produtividade e competitividade dos sistemas de produção. As diferentes composições raciais destes animais (*Bos taurus* x *Bos indicus*) fornecem uma série de alternativas para os diferentes ambientes do Brasil. Seria então importante, determinar qual a melhor composição racial para cada região. A avaliação da GxE, neste caso, torna-se imprescindível.

Apesar da importância da existência da GxE, a incorporação deste componente de variação nas avaliações genéticas não é uma realidade no melhoramento de bovinos de corte no Brasil.

2. OBJETIVOS

- Definir e caracterizar ambientes comuns de produção de bovinos de corte compostos em diversas regiões brasileiras para o estudo da interação genótipo-ambiente.
- Investigar a existência de interação genótipo-ambiente para peso ao nascimento, peso à desmama, ganho de peso pós-desmama, perímetro escrotal e musculosidade de bovinos de corte compostos, utilizando diferentes metodologias.
- Fornecer subsídios para a identificação de composições raciais mais adequadas para cada ambiente de produção.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Bovinos de corte compostos e o sistema NABC

Bovinos compostos são aqueles formados pelo cruzamento de duas ou mais raças com o objetivo de explorar a heterose e a complementaridade entre elas e que sejam capazes de manter níveis elevados de heterose nas gerações sucessivas de acasalamentos inter si (GREGORY; CUNDIFF, 1980). É uma população estável que permite o aproveitamento das diferenças raciais favoráveis e retenção de heterose (MOURÃO, 2005).

Com base no programa original de formação do bovino de corte composto a ser aqui estudado, as raças foram pré-agrupadas em função de sua origem genética e da sua aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999):

- GRUPO N: animais *Bos taurus indicus*, incluindo-se as raças já adaptados no Brasil, como a Gir, Guzará, Indubrasil, Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran. Essas raças contribuem para o programa com sua alta rusticidade, sua resistência a parasitas e seu rendimento de carcaça e são a base inicial do programa, constituída principalmente por vacas da raça Nelore;
- GRUPO A: bovinos de origem não zebuína adaptados aos trópicos. Este grupo inclui as principalmente as raças Afrikander, Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Romo-Sinuano e

Senepol. Animais destas raças contribuem com adaptabilidade ao clima tropical, fertilidade e qualidade de carne;

- GRUPO B: animais *Bos taurus taurus* de origem britânica, Devon, Hereford, Aberdeen Angus, Red Angus, Red Poll e South Devon. Essas raças contribuem principalmente com precocidade sexual, qualidade de carne e carcaça;

- GRUPO C: animais *Bos taurus taurus* originárias da Europa continental, principalmente as raças Gelbvieh, Limousin, Charolesa, Pardo-Suiço e Simental. Estas contribuem com características de crescimento, rendimento e qualidade de carcaça.

Alguns critérios foram apontados por Bourdon (1999) como fundamentais para se avaliar o potencial de bovinos compostos: (1) mérito genético das raças formadoras, (2) nível de heterose produzida (retida); (3) simplicidade no manejo e nos custos; (4) origem das fêmeas de reposição; (5) complementaridade entre as raças; (6) uniformidade de desempenho; (7) acurácia da predição dos valores genéticos. Conforme Koger (1980), a combinação de raças mais adequadas varia de uma situação para outra, dependendo do ambiente em questão, da gestão e metas de produção. As características mais importantes que determinam a eficácia comparativa das combinações alternativas incluem: (1) adaptabilidade genética para o clima, terreno, programa de manejo, produção e alimentação; (2) características de produção, incluindo a taxa de desmame, habilidade materna, características de crescimento e desempenho em confinamento, e (3) de comercialização de produtos, incluindo novilhos, fêmeas excedentes e vacas de descarte.

Diante de todas essas questões, diversos trabalhos têm sido realizados principalmente no Clay Center (EUA) e também na Austrália (Tropical Beef Cattle) a fim de avaliar o potencial de cruzamentos e formação de bovinos compostos (GREGORY; CUNDIFF; KOCH, 1995, PRAYAGA, 2003).

3.2 Interação genótipo-ambiente (GxE)

A presença de GxE caracteriza-se pela resposta diferente de genótipos às variações ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996). O ambiente não modifica a constituição genética do indivíduo, e sim determina a extensão na qual o genótipo será expresso, por isso há a possibilidade de que o melhor genótipo em um ambiente não o seja em outro. Conforme Calus (2006), a GxE resulta em três possíveis efeitos: 1) heterogeneidade de variâncias genéticas entre ambientes (também conhecido como efeito de escala), 2) reclassificação (*reranking*) dos animais

entre ambientes baseado em valores genéticos estimados e 3) heterogeneidade de correlações entre duas ou mais características entre ambientes.

A simples constatação da presença da GxE não informa a magnitude da interferência ambiental na expressão do genótipo, e quanto do melhoramento feito em um ambiente será transferido para outro ambiente (FALCONER; MACKAY, 1996). Desta forma, escolher o ambiente onde deve ocorrer a seleção dos animais para a reprodução, tendo em vista o local em que deverão viver e procriar, é uma consideração relevante em termos produtivos e econômicos (NOBRE; ROSA; EUCLIDES FILHO, 1987).

Quando da ocorrência de GxE, a expressão genética de uma característica em ambientes diferentes não é a mesma. Assim, o objetivo de seleção deve definir não somente as características, mas também o ambiente no qual essas características serão melhoradas (KOLMODIN et al., 2004).

3.3 Metodologias para o estudo da GxE

A avaliação e consideração da GxE nos programas de melhoramento, com a finalidade de detectar a sua significância e utilizá-la na seleção para predizer e otimizar ganhos genéticos de acordo com os diferentes sistemas de produção pode trazer vantagens econômicas. A GxE pode ser verificada por meio de diferentes metodologias descritas na literatura.

O uso da correlação genética para descrever a GxE foi proposto Falconer (1952) ao definir a medição da mesma característica em ambientes diferentes como características distintas. A obtenção de uma estimativa de correlação genética significativamente diferente da unidade é um indício de que a expressão da característica não é controlada pelo mesmo grupamento gênico e que os valores genéticos podem ser diferentes nos dois ambientes. Conforme Robertson (1959), correlações genéticas abaixo de 0,8 são de importância biológica porque a reclassificação dos animais tende a ser pronunciada. Os mecanismos fisiológicos que determinam a expressão de determinada característica em um dado ambiente podem ser diferentes dos mecanismos que determinam o desempenho em outro ambiente. O mesmo pode ocorrer com o conjunto de genes responsáveis pela expressão da característica, os quais também podem variar conforme o ambiente em questão.

Este tipo de abordagem têm sido um dos mais utilizados para se inferir sobre a GxE em características de interesse econômico dos animais domésticos (ZWALD et al., 2003, LOPES et

al., 2008, RIBEIRO et al., 2009). Vários trabalhos em bovinos de corte (TORAL et al., 2004, ALENCAR; MASCIOLI; FREITAS, 2005, PÉGOLO et al., 2009) e leite (WEIGEL; REKAYA, 2000, KOLMODIN, 2003, FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003) têm evidenciado que as correlações genéticas obtidas sob modelo multicaracterística diferem significativamente da unidade nos diferentes ambientes. Os modelos multicaracterística têm sido de grande utilidade para as avaliações genéticas de bovinos de leite entre países (*Multiple Across Country Evaluation - MACE*) (SCHAEFFER; DEKKERS, 1994). No MACE, cada país é considerado como um ambiente conforme as suas fronteiras geográficas, independentemente das condições das condições climáticas específicas de cada um, como por exemplo: temperatura, precipitação, radiação, nível de produção e tipo de manejo. Diversos estudos têm objetivado identificar importantes fatores ambientais que possam ser utilizados para se distinguir ambientes (países), para posteriormente se proceder as avaliações genéticas (WEIGEL; REKAYA, 2000, FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003).

A comparação de modelos também tem sido largamente utilizada para avaliar a significância do efeito da GxE no modelo de avaliação genética, por meio do teste de Razão de Verossimilhança (CIENFUEGOS-RIVAS et al., 1999, ALENCAR; MASCIOLI; FREITAS, 2005, MATTAR, 2009). Basicamente, os trabalhos utilizando essa abordagem têm avaliado o efeito da interação touro-região ou touro-rebanho (BERTRAND; BERGER; WILLHAM, 1985, ELER et al., 2000, ALENCAR; MASCIOLI; FREITAS, 2005). O teste define a razão entre o máximo da função de verossimilhança sob o modelo reduzido (sem o efeito não correlacionado) e o máximo da função de verossimilhança sob o modelo completo (com o efeito não correlacionado) possibilitando avaliar a significância deste efeito no modelo.

Com o objetivo de verificar a influência dos ambientes sobre as estimativas dos valores genéticos dos animais e as mudanças nas classificações dos animais com base nessas estimativas nos diferentes ambientes, têm-se estimado coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman (CALUS; GROEN; DE JONG, 2002, TORAL et al., 2004).

3.3.1 Modelos de normas de reação

Conforme Gabriel e Linch (1992), Woltereck criou em 1909 o termo norma de reação (NR). Ele estudou a variação do tamanho da carapaça de clones de *Daphnia* (pequeno crustáceo) de lagos da Alemanha. Ele identificou diferenças morfológicas entre linhas puras desse crustáceo

em resposta a alterações ambientais. Foi então obtida uma curva média fenotípica desta característica. Realizar medições para todas as combinações ambientais conduziria a um enorme número de curvas (normas de reação para combinações específicas de ambiente). Woltereck denominou então a totalidade destas curvas para cada caráter de norma de reação (*Reaktionsnorm*) específica. Ele também definiu o genótipo, como todas as suas normas de reação específicas herdáveis. Entretanto, na prática, somente uma pequena fração das curvas fenotípicas podem ser medidas, o que Woltereck chamou de normas de reação parcial. Desta forma, o conceito de norma de reação usual é o proposto por Schmalhausen em 1949, que é equivalente a uma única curva fenotípica dentro da visão de Woltereck. Outros termos comumente utilizados os quais se referem às normas de reação são: plasticidade ambiental, plasticidade fenotípica e sensibilidade ambiental.

A NR descreve o fenótipo de um animal como uma função contínua do ambiente (STRANDBERG, 2000) e expressa o fenótipo como uma função polinomial do valor ambiental, em que os coeficientes polinomiais são assumidos estar sob influência genética (DE JONG, 1995). Dessa forma, o modelo norma de reação (MNR) descreve características que mudam gradual e continuamente sobre um gradiente ambiental. Assim, o modelo de norma de reação (MNR) pode ser utilizado para o estudo da GxE e constitui uma interessante alternativa ao modelo multicaracterística. Conforme Su et al. (2006), o MNR é adequado para descrever a GxE, em parte, porque pode acomodar um grande número de níveis ambientais com poucos parâmetros. Segundo Komoldin (2003), a NR é estimada por uma regressão fixa dos valores médios fenotípicos da população em cada ambiente sobre o gradiente ambiental, a partir da qual a NR individual pode ser predita pela regressão aleatória dos valores fenotípicos de animais relatados no gradiente ambiental, supondo que o mesmo indivíduo não pôde ser medido em muitos ambientes. As estimativas que resultam da análise de regressão aleatória são os valores genéticos dos animais para os coeficientes da função que descreve a NR e, além disso, as covariâncias daqueles coeficientes são estimadas. Assim, os coeficientes podem ser usados para construir valores genéticos de animais para o desempenho em um gradiente ambiental. Sendo os parâmetros genéticos estimados em função desse gradiente ambiental, pode-se identificar com maior precisão a ocorrência e o tipo da GxE, tanto pelo não paralelismo das normas de reação quanto pelas correlações genéticas entre diferentes pontos do gradiente ambiental.

Conforme Valente (2007), no MNR são atribuídos a cada animal avaliado, dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e linear) que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental ambiente. A magnitude do componente de variância atribuído ao coeficiente de regressão linear é útil para se poder avaliar a existência da GxE. Coeficientes de pequena magnitude indicam que as NR dos animais avaliados são quase paralelas no gradiente ambiental. Coeficientes de regressão linear de maior magnitude indicam maior sensibilidade às alterações ambientais, podendo desta forma ser constatada alterações na classificação dos animais.

Com a utilização de funções de covariância obtidas via modelos de regressão aleatória por meio dos quais se obtém a NR dos animais de acordo com as variações gradativas no ambiente de produção, pode-se identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental estudado. Diversos trabalhos com bovinos de corte e leite têm sido desenvolvidos neste sentido. Em termos gerais têm se observado variações expressivas dos parâmetros genéticos em função do gradiente ambiental. A maior parte dos autores tem constatado maiores coeficientes de herdabilidade para características como peso e produção de leite quando o gradiente ambiental se torna favorável e mais homogêneo (KOMOLDIN et al., 2004, CARDOSO et al., 2011). Conforme Cardoso et al. (2011) os parâmetros genéticos podem mudar no gradiente ambiental, implicando maior proporção da variação fenotípica devida a fatores genéticos em ambientes melhores. Assim é de grande importância que contabilize essas variações com a finalidade de melhor identificar os animais geneticamente superiores para determinadas condições ambientais. Nobre et al. (2003) ressaltaram que os modelos de regressão de aleatória (como o MNR) fornecem ainda estimativas de diferença esperada na progênie mais acuradas que os modelos multicaracterística.

3.3.2 Sensibilidade Ambiental

A sensibilidade ambiental ou plasticidade fenotípica é demonstrada por um genótipo quando seu fenótipo pode ser alterado por influências ambientais (BRADSHAW, 1965). Stearns (1989) menciona que sob a visão de Wright, a sensibilidade ambiental seria como um agente que desacopla o fenótipo do genótipo: se os organismos forem adaptativamente plásticos eles irão produzir um fenótipo superior sob diferentes condições ambientais e serão capazes de realizar as alterações genéticas necessárias para tal. Stearns (1989) ainda relata a descrição de Dobzhansky

(da antiga União Soviética, hoje Rússia), de que as normas de reação permitem alterações essenciais à evolução das mais diferentes espécies. Falconer (1990) definiu sensibilidade ambiental como a extensão das modificações no fenótipo causadas pelos distintos ambientes, ou de outra forma, a reação dos indivíduos aos diferentes ambientes. Dessa forma, a GxE pode ser descrita como diferenças na sensibilidade ambiental entre os indivíduos (KOMOLDIN, 2003).

A metodologia que utiliza a norma de reação para o estudo da GxE permite distinguir a capacidade dos genótipos em serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais uma vez que ela supõe que o ambiente seja classificado sobre qualquer escala e também que as características possuem continuidade fisiológica sobre o ambiente (DE JONG; BIJMA, 2002).

3.4 Metodologias para estudo da diversidade ambiental

Devido à grande diversidade de sistemas de produção, topografia, clima e solo do Brasil, é necessário que métodos apropriados sejam utilizados para se definir os ambientes comuns de produção que serão a base do estudo da GxE. Neste contexto, os métodos de exploração multivariada dos dados podem ser utilizados.

A análise de agrupamento é uma técnica que permite que indivíduos ou objetos sejam classificados em grupos diferentes, a fim de obter a máxima homogeneidade dentro e a máxima heterogeneidade entre os grupos formados e adicionalmente a simplificação de dados por meio da redução do número de indivíduos ou objetos nos grupos. Duas são as abordagens comumente utilizadas e descritas por Sharma (1996):

a) Método hierárquico de agrupamento: Este método de agrupamento separa indivíduos ou objetos em grupos por meio da escolha de um coeficiente de semelhança que quantifica o quanto dois indivíduos ou objetos são similares.

Nos métodos hierárquicos os indivíduos são classificados em grupos em diferentes etapas, de modo ordenado (hierárquico), produzindo uma árvore de classificação (dendrograma). Esses métodos podem ser divididos em métodos aglomerativos e divisivos:

Métodos aglomerativos: através de fusões sucessivas dos n indivíduos, vão sendo obtidos $n - 1$, $n - 2$... etc. grupos, até que sejam reunidos todos os indivíduos em um único grupo. O processo inicia-se com tantos agrupamentos quanto o número de indivíduos. Os indivíduos mais similares formarão o primeiro grupo e esses grupos iniciais serão fundidos de acordo com suas

similaridades. Eventualmente, com a diminuição das similaridades, todos os subgrupos são fundidos em um único agrupamento.

Métodos divisivos: partem de um único grupo e por divisões sucessivas vão sendo divididos em 2, 3 ... etc. grupos, de tal modo que os indivíduos em um subgrupo estão longe dos objetos do outro.

Os resultados dos dois métodos podem ser mostrados na forma de um diagrama bidimensional conhecido como dendrograma, que ilustra as fusões ou as divisões que são feitas em cada um dos níveis sucessivos do processo. Os procedimentos hierárquicos aglomerativos e, em particular, nos métodos de ligação (*linkage methods*), são adequados para analisar tanto o agrupamento de itens quanto de variáveis (o que não é verdadeiro para todos os procedimentos hierárquicos aglomerativos). Os métodos aglomerativos comumente utilizados são: Centróide, Ligação Única (*single linkage* ou vizinho mais próximo), Ligação Completa (*complete linkage* ou do vizinho mais distante), Ligação Média (*average linkage*) e Ward.

b) Método não hierárquico: se aplica quando há o conhecimento do número de grupos em que os dados serão classificados. A classificação de um objeto ou indivíduo em um grupo é feita pela distância mínima entre o vetor de informações do objeto ou indivíduo aos centróides de cada grupo. Muitos dos algoritmos não hierárquicos diferem com respeito ao método usado para obter os centróides ou os pontos-sementes ou ainda quanto à regra usada para realocar os itens. O método não hierárquico mais comumente utilizado é chamado de k-médias (*k-means*). O algoritmo desse método designa cada item ao grupo que tem o centróide (média) mais próximo. O processo é composto basicamente de três passos: Os itens são divididos em k grupos iniciais, cada item é designado ao grupo cujo centróide está mais próximo (usualmente, são calculadas as distâncias euclidianas com as observações padronizadas). O centróide do grupo que recebeu um novo item e do grupo que perdeu um item é recalculado. O segundo passo é repetido até que não seja necessário fazer mais nenhuma realocação.

Após a obtenção de um agrupamento, é importante que seja avaliada a qualidade do mesmo. Conforme Sharma (1996), algumas estatísticas são empregadas com essa finalidade como, por exemplo: O RMSSTD (*root-mean-square standard deviation*) de um grupo é o desvio padrão ponderado de todas as variáveis que formam este grupo. Desde que o objetivo de uma análise de agrupamentos é formar grupos homogêneos, o RMSSTD de um grupo deverá ser tão

pequeno quanto possível. Um valor mais alto de RMSSTD sugere que o novo grupo não será homogêneo e vice-versa. RS (*R-square*) mede o quanto cada grupo é diferente de outro. Valores próximos de zero indicam pouca diferença entre grupos e valores próximos de um indicam diferenças máximas entre grupos.

A análise de agrupamento tem sido utilizada em diversos estudos de GxE. Sob a proposta de Falconer (1952), que consiste em considerar uma mesma característica, em ambientes diferentes, como diferente, a análise de agrupamento tem sido empregada principalmente em estudos com bovinos de leite. Conforme Weigel e Rekaya (2000), agrupar regiões específicas por meio de suas características climáticas e/ou geográficas pode ser uma alternativa viável para determinar os ambientes em que a característica analisada deve ser considerada como diferente.

Ravagnolo e Misztal (2002) utilizaram análise de agrupamento não hierárquico para agrupar 120 rebanhos de bovinos da raça Holandesa da Georgia (EUA) conforme informações climáticas obtidas em estações meteorológicas. Já Zwald et al. (2003) utilizaram a análise de agrupamento para agrupar mais de 200.000 rebanhos de bovinos da raça Holandesa de 17 países da América do Norte, Europa, África e Oceania. Os referidos autores utilizaram variáveis ambientais e produtivas como temperatura local, precipitação, tamanho do rebanho, idade ao parto e desvio padrão da produção de leite para se discriminar os rebanhos. Foi possível aos autores concluir nesse mesmo estudo que a GxE pode ser apropriadamente contabilizada por meio desse método de discriminação e ainda que o agrupamento dos rebanhos pode ser empregado na rotina de avaliação genética do Interbull. Cerón-Muñoz et al. (2004) estudaram GxE sobre a produção de leite de bovinos da raça Holandesa criados no Brasil e na Colômbia. Foi realizada análise de agrupamento não hierárquico utilizando-se sete variáveis descritivas de rebanhos com o objetivo de formar grupos de rebanhos homogêneos de rebanhos para posterior estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. Os autores verificaram que o método de agrupamento é simples e permite distinguir ambientes. Embora o modelo de agrupamento de rebanhos seja simples e flexível em termos do número e tipo de variáveis descritivas que podem ser utilizados, Weigel e Rekaya (2000) alertaram que a inclusão de fatores irrelevantes pode levar a erros no desenvolvimento dos grupos. A aquisição de informações rebanho-específico para todas as variáveis (incluindo o clima, tipo de solo, tipo de pastagem, etc.) favorece a correta agregação de fazendas.

4. REFERÊNCIAS

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

BERTRAND, J.K.; BERGER, P.J.; WILLHAM, R.L. Sire x environment interactions in beef cattle weaning weight field data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.60, p.1396-1402, 1985.

BOURDON, R. Composites. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.122-127, 1999.

BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in genetics**, New York, v.13, 115–155, 1965.

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

CALUS, M.P.L. **Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle**. 2006. 181 f. Tese (Doutorado) - Wageningen University, 2006.

CARDOSO, L.C. et al. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.294-300, 2011.

CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.87, p.2687-2692, 2004.

CIENFUEGOS-RIVAS, E.G. et al. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.82, p. 2218-2223, 1999.

COSTA, C.N. Interação genótipo/ambiente. In: VALENTE, J. et al. **Melhoramento genético de bovinos de leite**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2001. Cap 9, p.151-180.

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**, Shannon, v.78, p.195-214, 2002.

ELER, J.P. et al. Influence of sire x herd interaction on the estimation of correlation between direct and maternal genetic effects in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, p.1642-1648, 2000.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **The American Naturalist**, Chicago, 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 Ltd., 1996.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999.

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

GABRIEL, W.; LINCH, M. The selective advantage of reaction norms for environmental tolerance. **Journal of evolutionary biology**, v.5, p.41-59, 1992.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding in beef cattle: evaluation of systems. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.51, p.1224-1242, 1980.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.73, p.1920-1926, 1995.

KOGER, M. Effective crossbreeding systems utilizing Zebu cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.50, p.1215–1220, 1980.

KOMOLDIN, 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. et al. Reaction norms for protein yield and days open in Swedish red and white dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v.54, p.139-151, 2004.

LOPES, J.S. et al. Genotype and environment interaction effect on weights at birth, 205 and 550 days of age of Nelore cattle in the South Region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.54–60, 2008.

MATTAR, M. **Interação genótipo-ambiente para peso ao sobreano na raça Canchim**. 2009. 90 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, 2009.

MOURÃO, G.B. **Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculabilidade em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)**. 2005. 109 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

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

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

PÉGOLO, N.T. et al. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, p.281-287, 2009.

PRAYAGA, K.C. Evaluation of beef cattle genotypes and estimation of direct and maternal genetic effects in a tropical environment. 2. Adaptive and temperament traits. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.54, p.1027-1038, 2003.

RAVAGNOLO, O.; MISZTAL, I. Studies on genetics of heat tolerance in dairy cattle with reduced weather information via cluster analysis. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.85, p.1586-1589, 2002.

RIBEIRO, S. et al. Influence of genotype x environment interaction on weaning weight in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.61, p.668-675, 2009.

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

SHARMA, S. **Applied multivariate techniques**. New York: J. Wiley, 1996.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regression in animal models for testday production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, 1994, Guelph. **Anais...Guelph**: 1994. v.17, p.443-446.

STEARNS, S.C. The evolutionary significance of phenotypic plasticity. **BioScience**, v.39, p.436-445, 1989.

STRANDBERG, E. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied by use of reaction norms, 2000, Slovenia. In: **Proceedings Interbull meeting**, Bled Slovenia: p.41-45.

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

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

VALENTE, B.D. **Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste**. Belo Horizonte; UFMG, 2007. 39 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, 2007.

WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. A multiple-trait herd cluster model for international dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.83, p.815-821, 2000.

ZWALD, N.R. et al. Application of a multiple-trait herd cluster model for genetic evaluation of dairy sires from seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.86, p.376-382, 2003.

CAPÍTULO 1. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS EM DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL

1. RESUMO

Objetivou-se com o presente estudo caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos de corte compostos no Brasil com relação às variáveis climáticas e geográficas, utilizando técnicas exploratórias multivariadas. Verificar a presença de interação genótipo-ambiente (GxE) nas características pré-desmama peso ao nascimento (PN) e peso a desmama (PD) e identificar composições raciais mais adequadas para esses ambientes. Pela análise de agrupamento não-hierárquico foram agrupadas as regiões similares com relação às variáveis ambientais. Foram formados seis grupos de fazendas. A inclusão do efeito de interação touro-grupo foi avaliada em análises uni-característica. Comparou-se um modelo com o efeito de interação touro-grupo com outro sem esse efeito. Incluir o efeito de interação touro-GEO no modelo de avaliação genética do PN e do PD não resultou melhor ajuste aos dados, no entanto não deve ser descartada a hipótese de se considerar outros tipos de efeitos de GxE. Foram estimados parâmetros genéticos por meio de análises multi-característica, considerando-se a mesma característica como diferente em cada grupo de fazendas. Foi verificada heterogeneidade de variância para todas as características. Os coeficientes de herdabilidade para PN e PD variaram de 0,15 a 0,25 e de 0,16 a 0,25, respectivamente. As correlações genéticas variaram de 0,19 a 0,90 para PN e de -0,02 a 0,92 para PD nos grupos fazendas. Pelas correlações genéticas entre as características nas diversas regiões, constatou-se GxE, indicando que os melhores reprodutores para uma determinada região não são sempre os mesmos para as demais. O valor genético médio de cada grupo de touros de mesma composição racial foi utilizado para identificar as melhores composições para cada região. Animais de composição racial com maior proporção do tipo biológico A e B apresentaram, em geral, menor valor genético direto médio para PN. A combinação do tipo biológico B e C apresentou valor genético direto maior em relação à maioria das composições raciais, podendo ser considerada como uma opção para se elevar o PD dos animais desta população. Existe variação genética nas características de crescimento pré-desmama estudadas suficiente para permitir resposta à seleção. A resposta seleção para estas características deve variar de acordo com o ambiente em que os animais são criados e

selecionados. A baixa correlação genética entre praticamente todas as regiões estudadas, permite-nos sugerir que uma avaliação genética separada para algumas regiões deveria ser realizada a fim de identificar os indivíduos superiores geneticamente.

Palavras-chave: análise de agrupamento, correlação genética, interação genótipo ambiente, peso a desmama

2. INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente (GxE) provoca alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, por conseguinte, resulta em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente em que os animais são criados e avaliados (ALENCAR; MASCIOLI; FREITAS, 2005).

Uma das metodologias mais aceitas para constatação da GxE foi proposta por Falconer (1952) e consiste em interpretar uma mesma característica, em ambientes diferentes, como diferente, pois os genes que a controlam em um determinado ambiente podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro ambiente. Agrupar regiões específicas por meio de suas características climáticas e/ou geográficas pode ser uma alternativa viável para determinar os ambientes em que a característica analisada deve ser considerada como diferente (WEIGEL; REKAYA, 2000).

Os bovinos compostos são hoje uma alternativa para a pecuária de corte, podendo aumentar de maneira rápida a produtividade e competitividade dos sistemas de produção (FERRAZ; ELER; GOLDEN 1999). Bovinos compostos são aqueles formados pelo cruzamento de duas ou mais raças com o objetivo de explorar a heterose e a complementaridade entre elas e que sejam capazes de manter níveis elevados de heterose nas gerações sucessivas de acasalamentos inter si (GREGORY; CUNDIFF, 1980). A avaliação da GxE no desempenho desses animais torna-se imprescindível, visto que a composição racial que apresenta melhor desempenho em um determinado ambiente pode não apresentar em outro.

Objetivou-se com a realização do presente estudo: caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos compostos no Brasil em relação às variáveis ambientais, utilizando técnicas multivariadas exploratórias de dados. Verificar a presença de GxE nas

características peso ao nascimento (PN) peso a desmama (PD) nestes ambientes. Identificar composições raciais mais adequadas para os ambientes de produção.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados foram provenientes de animais nascidos entre 1995 e 2008, pertencentes a 36 fazendas situadas em 27 municípios dos estados brasileiros de Goiás (GO), Minas Gerais (MG), Mato Grosso do Sul (MS), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Rio Grande do Sul (RS) e São Paulo (SP), participantes do Programa de Melhoramento Genético do Composto Montana Tropical®, da CFM-Leachman Pecuária Ltda.. Foram obtidas as seguintes informações climáticas históricas dos últimos 15 anos de cada município onde se situam as fazendas (Agritempo, 2009): temperatura mínima média anual, máxima média anual e precipitação média anual, além das geográficas: latitude, longitude e altitude para possibilitar a caracterização dos ambientes de produção.

Com base no programa original de formação do bovino de corte composto, população utilizada no presente estudo, as raças foram pré-agrupadas em função de sua similaridade genética e aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999): o grupo N para as raças zebuínas (*Bos indicus*), representado principalmente pelas raças Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran; o grupo A (*Bos taurus*) para as raças adaptadas ao clima tropical, como Belmont Red, Bonsmara, Romosinuano e Senepol; o grupo B (*Bos taurus*) para as raças européias de origem britânica como Red Angus, Devon e Hereford; o grupo C (*Bos taurus*) para as raças européias de origem continental como Charolesa, Gelbvieh, Simental, Limousin dentre outras.

A pesagem dos animais ao desmame ocorreu por volta de 205 dias de idade. Os animais foram mantidos sob regime de pasto, podendo haver suplementação na época seca do ano.

Todas as observações foram previamente ajustadas usando fatores de ajuste desenvolvidos pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo para: composição racial materna, heterozigose individual e materna. Foram excluídos do banco de dados animais sem pais conhecidos, observações que excederam 3,5 desvios-padrão abaixo ou acima da média geral e grupos contemporâneos que foram formados por menos de 20 animais.

Caracterização ambiental e definição do número de ambientes

Para a definição do número de ambientes a serem formados para posterior estimação de parâmetros genéticos, foi adotada a seguinte estratégia: foi realizada análise de agrupamento não-hierárquico, utilizando as variáveis ambientais de municípios onde se situam as fazendas. Um grupo (ambiente) para ser formado deveria conter número mínimo de 1.000 animais com observações válidas para cada característica. Seis grupos foram formados por meio do procedimento FASTCLUS do programa SAS (2008), baseando-se na distância euclidiana. Conforme Zwald et al. (2003) esse método iterativo garante que as distâncias entre as observações no mesmo grupo serão menores do que as distâncias entre as observações em grupos diferentes. Os parâmetros escolhidos para verificar a qualidade do agrupamento foram o *R-square* e o *root-mean-square standard deviation* (RMSSTD). O *R-square* assume valores entre 0 e 1, com 0 indicando não haver diferenças entre grupos e 1 indicando a máxima diferença entre grupos. O desejável é que o *R-square* seja próximo de um. O RMSSTD também assume valores entre 0 e 1, sendo que valores mais baixos são desejáveis, indicando homogeneidade dentro dos grupos formados.

Estimação de parâmetros genéticos para estudo da GxE

Após a definição do número de grupos, denominados neste momento de geoclimáticos (GEO), foram mantidos no banco de dados somente animais filhos de touros que tinham progênes em pelo menos dois destes grupos.

Os modelos estatísticos para PN e PD incluíram o efeito de grupo de contemporâneos (fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo e sexo) e as covariáveis idade do animal à mensuração (efeito linear), idade da mãe ao parto (efeitos linear e quadrático). Ainda foram incluídos os efeitos genético aditivo de animal e materno e de ambiente permanente materno.

Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se abordagem Bayesiana por meio do programa GIBBS2F90 e POSTGIBBSF90 (MISZTAL et al., 2002). Foi adotada priori flat para todos os efeitos a serem estimados. As análises foram executadas como uma única cadeia de 350.000 ciclos, com período de burn-in de 25.000 e intervalo de descarte amostral de 50 ciclos. Portanto, um total de 6.500 amostras foi utilizado para o cálculo posterior de médias, medianas, modas, desvios-padrão e intervalos de credibilidade.

As seguintes análises para o estudo da GxE foram realizadas para PN e PD:

1) Análise uni-característica com modelo reduzido, em comparação a uma análise uni-característica incluindo o efeito não-correlacionado de interação touro-GEO (modelo completo). A fim de identificar o modelo melhor de ajuste aos dados foi utilizado o critério de informação da *deviance* (DIC) (Spiegelhalter et al, 2002). O DIC é composto por uma medida de ajuste global, média *a posteriori* da *deviance*, e uma penalização por complexidade do modelo. Menores valores de DIC indicam melhor ajuste do modelo.

2) Análise multi-característica, considerando-se a característica em questão (PN ou PD) como diferente em cada GEO, conforme proposto por Falconer (1952).

Prospecção de composições raciais

O valor genético médio dos animais pertencentes a uma mesma composição racial em cada um dos GEO formados foi utilizado para ilustrar o desempenho dos animais em cada ambiente.

Sumário do arquivo de dados

Feitas todas as restrições já mencionadas, na Tabela 1 é apresentado o sumário dos arquivos de dados utilizados em todas as análises.

Tabela 1. Descrição do banco de dados de peso ao nascimento (PN) e peso a desmama (PD).

	PN (kg)	PD (kg)
Animais no pedigree	239.998	259.625
Número de touros no pedigree	1.519	1.542
Número de vacas no pedigree	132.1782	139.743
Animais com observações	118.063	132.649
Número de touros	346	351
Número de vacas	70.158	74.982
GC	1.148	1.667
Média	30,90	194,07
Desvio-padrão	4,05	35,96

GC = número de grupos de contemporâneos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Caracterização ambiental e definição do número de ambientes

Os valores de *R-square* e RMSSTD foram de 0,72 e 0,58, respectivamente. A utilização da técnica multivariada de agrupamento de fazendas permitiu que fazendas localizadas em municípios de condições ambientais semelhantes fossem agrupadas, independentemente dos limites geográficos dos respectivos estados (Tabela 2 e Figura 1). Municípios isolados da maioria foram agrupados em grupos particulares, como é o caso de Pelotas e Santana do Livramento (GEO5) e Carlos Chagas (GEO6).

No presente estudo, a maioria das fazendas estava localizada em municípios distintos, evitando a atribuição um valor idêntico de uma determinada variável ambiental para todas as fazendas pertencentes a um mesmo município. Weigel e Rekaya (2000) mencionam que, embora o modelo de agrupamento de fazendas seja flexível, em termos do número e tipo de variáveis descritivas que podem ser utilizados, a inclusão de fatores irrelevantes pode levar a erros no desenvolvimento dos grupos. A aquisição de informações fazenda-específica para todas as variáveis (incluindo o clima, tipo de solo, tipo de pastagem, etc.) favorece a agregação correta de fazendas.

Tabela 2. Grupos geoclimáticos (GEO), estados e respectivas cidades onde se localizam as fazendas em que os animais foram criados

Legenda	GEO	Estado	Cidade	NPD	NPN
1	1	SP	Araçatuba	1.113	1.023
2	1	SP	Guaraci	4.958	4.840
3	1	MS	Ivinhema	22.313	21.112
4	1	MS	Naviraí	2.685	2.731
5	1	SP	Pirajui	2.986	2.761
6	1	SP	Pontes Gestal	7.465	7.056
7	1	SP	Presidente Epitácio	11.336	11.538
8	1	MS	Rio Brillhante	3.492	3.215
9	1	GO	Santa Isabel	1.607	1.627
10	2	MS	Anastácio	263	197
11	2	MS	Dois Irmãos do Buriti	7.840	7.632
12	2	MS	Miranda	3.688	3.792
13	2	MS	Santa Rita do Pardo	9.354	9.007
14	3	GO	Aporé	11.495	3.314
15	3	GO	Britânia	2.663	2.569

Continua

Continuação

Tabela 2. Grupos geoclimáticos (GEO), estados e respectivas cidades onde se localizam as fazendas em que os animais foram criados

Legenda	GEO	Estado	Cidade	NPD	NPN
16	3	MT	Comodoro	480	459
17	3	MS	Jaraguari	61	161
18	3	GO	Jataí	3.457	3.365
19	3	MS	Laguna Carapa	4.699	4.442
20	3	GO	Mutunópolis	3.774	2.190
21	3	MS	Ponta Porã	3.097	3.066
22	4	MT	Alta Floresta	5.186	4.833
23	4	RO	Ariquemes	1.891	1.878
24	4	PA	Cumaru do Norte	2.466	1.372
25	5	RS	Pelotas	4.456	4.441
26	5	RS	Santana do Livramento	1.686	1.752
27	6	MG	Carlos Chagas	8.138	7.690

NPD = número de observações para perímetro escrotal; NGP = número de observações para musculosidade

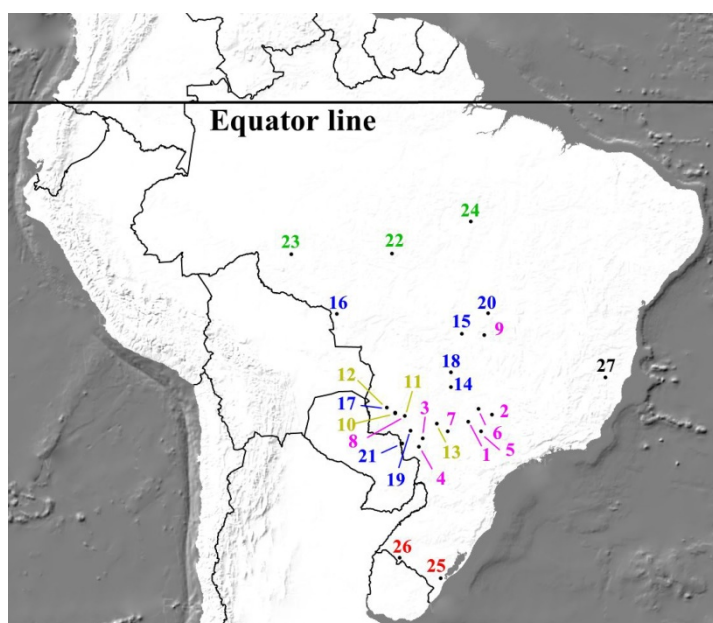


Figura 1. Localização das cidades onde se situam as fazendas de origem dos animais

O GEO1, GEO2 e GEO4 se caracterizaram pelas temperaturas médias anuais mais altas, já GEO3 e GEO6 intermediárias e GEO5 mais baixas (Tabela 3). GEO3 e GEO4 apresentaram precipitação anual mais alta em relação aos demais GEO. A precipitação diferiu entre os GEO,

conforme esperado, já que, por exemplo, o GEO4 foi formado por fazendas localizadas no Bioma Amazônia, região tida como de alta precipitação, contrastando com GEO6 que está localizado em uma região de menor precipitação pertencente ao Bioma Mata Atlântica (IBGE, 2004, CLIMANÁLISE, 2010). A altitude média de cada GEO foi contrastante, principalmente entre GEO3, formado por fazendas situadas em municípios do planalto central brasileiro e GEO6 situado próximo da faixa litorânea. Com relação ao posicionamento geográfico, os GEO também foram divergentes, com grupos formados por fazendas situadas em municípios mais ao norte do Brasil (GEO4), e também no sul (GEO5), o que explica as diferenças encontradas principalmente em termos de temperatura e precipitação. É importante ressaltar a diversidade de vegetação entre os GEO, apesar deste fator não ter sido incluído neste trabalho como uma variável ambiental. No caso do Brasil as pastagens nativas têm papel importante para vários sistemas de produção de gado de corte. Neste caso, o tipo de vegetação local está intimamente ligado à qualidade das pastagens que servem de base para a alimentação dos rebanhos. Foram formados GEO tanto na região pertencente ao Bioma Pantanal e Cerrado (GEO2 e GEO3), com vegetação do tipo savana, como também na região pertencente ao Bioma Pampa de vegetação do tipo estepe gramíneo-lenhosa ou arborizada (GEO5).

Apesar do agrupamento de fazendas utilizado no presente estudo ter fornecido resultado adequado à realidade ambiental brasileira, a verificação da importância de cada um dos descritores de fazendas e a inclusão de mais informações para a realização do agrupamento como, por exemplo, tamanho do rebanho, desvio-padrão do peso e nível de suplementação poderia ser útil para aumentar o poder de discriminação e qualidade do agrupamento.

Tabela 3. Médias das variáveis ambientais para em cada grupo geoclimático (GEO) formado

GEO	Lat	Lon	P	A	TMI	TMA
1	21.26	51.67	1291,56	391,03	17,35	30,17
2	20.92	54.12	1158,33	277,57	19,33	30,85
3	19.38	53.29	1515,27	534,78	16,95	28,46
4	9.52	56.63	1818,20	259,91	18,53	30,19
5	31.28	54.10	1334,38	123,01	14,92	25,20
6	17.70	40.76	1019,77	159,00	17,33	28,66

Lat = latitude (°), Lon = longitude (°), P = precipitação (mm), A = altitude (m), TMI = temperatura mínima média anual (°C), TMA = temperatura máxima média anual (°C).

Estimação de parâmetros genéticos para estudo da GxE

Análise uni-característica

As médias, medianas e modas das estimativas obtidas foram semelhantes para todos os parâmetros conforme o esperado para uma densidade marginal posterior que segue distribuição normal (CARLIN; LOUIS, 2000) (Tabela 4). Menores valores de DIC indicam os modelos mais adequados, portanto, no presente estudo, os modelos que não incluíram o efeito de touro-GEO para PN e PD devem ser preferidos para se realizar a avaliação genética.

Tabela 4. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos obtidos por meio do modelo completo e reduzido para as características estudadas.

Item	Peso ao nascimento (kg)									
	Modelo reduzido					Modelo completo				
	Média	Moda	Mediana	DP	IC95%	Média	Moda	Mediana	DP	IC95%
σ_a^2	3,414	3,377	3,406	0,178	3,030 – 3,790	2,351	2,360	2,349	0,129	2,108 – 2,614
σ_m^2	0,419	0,406	0,417	0,025	0,36 – 0,46	0,314	0,307	0,313	0,019	0,279 – 0,354
σ_{tg}^2	-	-	-	-	-	0,360	0,366	0,359	0,021	0,320 – 0,403
σ_{pm}^2	0,570	0,550	0,569	0,033	0,507 – 0,638	0,563	0,569	0,561	0,033	0,501 – 0,630
σ_e^2	9,224	9,254	9,228	0,130	8,965 – 9,484	9,635	9,618	9,634	0,114	9,403 – 9,858
h_a^2	0,250	0,233	0,250	0,011	0,228 – 0,274	0,177	0,181	0,177	0,009	0,160 – 0,196
h_m^2	0,030	0,029	0,030	0,001	0,027 – 0,034	0,023	0,023	0,023	0,001	0,021 – 0,026
c^2	0,041	0,037	0,041	0,002	0,037 – 0,046	0,042	0,042	0,042	0,002	0,038 – 0,047
tg^2	-	-	-	-	-	0,027	0,025	0,027	0,001	0,024 – 0,030
DIC ⁿ	443.699					663.101				
Peso a desmama (kg)										
σ_a^2	114,069	108,500	113,400	10,448	95,460 – 135,900	68,187	64,830	67,100	6,596	56,260 – 82,010
σ_m^2	67,978	66,360	67,740	5,071	58,210 – 78,840	56,255	57,670	56,160	4,060	48,670 – 64,480
σ_{tg}^2	-	-	-	-	-	18,313	17,220	18,270	1,564	15,430 – 21,540
σ_{pm}^2	63,379	64,460	63,460	3,499	56,380 – 70,230	62,792	62,580	62,780	3,507	56,140 – 69,630
σ_e^2	356,976	356,500	357,200	5,754	345,100 – 367,200	376,414	377,800	376,500	4,135	368,200 – 384,300
h_a^2	0,189	0,188	0,169	0,015	0,161 – 0,221	0,117	0,102	0,116	0,010	0,097 – 0,139
h_m^2	0,112	0,108	0,112	0,007	0,098 – 0,129	0,096	0,091	0,096	0,006	0,084 – 0,109
c^2	0,105	0,095	0,105	0,005	0,093 – 0,116	0,107	0,100	0,107	0,006	0,096 – 0,119
tg^2	-	-	-	-	-	0,031	0,027	0,031	0,002	0,026 – 0,037
DIC ^d	689,653					1.954,215				

DP = desvio-padrão, IC95% = intervalo de credibilidade 95%, DIC = critério de informação da *deviance*, n = +1.070.000, d = +261.000, σ_a^2 = variância dos efeitos genéticos aditivos diretos, σ_m^2 = variância dos efeitos genéticos aditivos maternos, σ_{tg}^2 = variância da interação touro-grupo geoclimático, σ_{pm}^2 = variância dos efeitos de ambiente permanente da vaca, σ_e^2 = variância dos efeitos residuais, h_a^2 = herdabilidade direta, h_m^2 = herdabilidade materna, c^2 = fração da variância fenotípica devida ao ambiente permanente da vaca, tg^2 = fração da variância fenotípica devida ao efeito de touro-grupo geoclimático.

Semelhantemente ao observado no presente estudo, Tess et al. (1979) afirmaram que a interação touro x região não foi significativa em estudo com PD de bovinos Simental pertencentes a três diferentes regiões dos Estados Unidos. Os mesmos autores concluíram ainda que outras interações, como por exemplo touro x rebanho ou touro x grupo de contemporâneos poderiam ser mais importantes. Bertrand; Hough e Benyshek (1987), em estudo com PN e PD de bovinos Limousin dos Estados Unidos, verificaram que o componente de variância referente a interação touro x região foi de menor magnitude que os componentes de touro e touro x grupo de contemporâneos, levando a crer que o efeito de touro x região pode ser considerado como de menor importância para estas características. Nephawe et al. (1999) reportaram para PN e PD de bovinos Bonsmara da África do Sul, que a interação entre touro x região é de menor importância que o efeito da interação touro x grupo de contemporâneos. Para a realização da avaliação genética do PN e do PD dos animais da presente população de bovinos compostos, incluir o efeito de interação touro-GEO não resultou em um modelo que melhor se ajustasse aos dados, no entanto não deve ser descartada a hipótese de se considerar outros tipos de efeitos de GxE.

O efeito da interação touro-GEO, no presente estudo, representou cerca de 3% da variância fenotípica, semelhante ao reportado por Notter et al. (1992) para o efeito da interação touro x rebanho para o peso a desmama de bovinos Angus da Austrália (3,3 %). Tess et al. (1984) em estudo com bovinos da raça Hereford reportaram que o componente de interação touro x região não foram importantes, representando apenas 1,5 e 1,9%, respectivamente, da variância fenotípica do peso ao nascimento e à desmama.

As características estudadas apresentaram relevante componente genético. Os coeficientes de herdabilidade direta obtidos no presente estudo indicam que o PN e o PD podem responder satisfatoriamente à seleção. O coeficiente de herdabilidade materna para o PN foi de pequena magnitude se comparado a mesma estimativa obtida para o PD. Assim, a seleção para maior habilidade materna deve ser mais efetiva quando aplicada ao PD. As estimativas de herdabilidade foram menores para o modelo que incluiu o efeito de interação touro-GEO. A redução foi de 29 a 38% em média para a herdabilidade direta e 14 a 23% para a herdabilidade materna para PN e PD respectivamente. Portanto, a utilização do modelo que inclui o efeito de interação touro-GEO, neste caso, poderia se traduzir em perda de eficiência de seleção considerando que este modelo foi indicado como não adequado para a avaliação genética de PN e PD desta população.

As estimativas de herdabilidade para PN e PD obtidas pelo modelo que não incluiu a interação touro-GEO estão de acordo com as relatadas na literatura. Albuquerque e Meyer (2001) relataram que a estimativa de herdabilidade direta decresceu do nascimento (0,32) até o desmame (0,14) para bovinos da raça Nelore avaliados sob modelo de regressão aleatória. Meyer (2001) descreveu padrão similar de herdabilidade ao nascimento e à desmama de bovinos Polled Hereford e Wokalup da Austrália. Também em acordo com o presente estudo, Dias et al. (2005), em estudo com a raça Tabapuã, reportaram maior estimativa de herdabilidade direta ao nascimento (0,26), sendo que esta estimativa decresceu a 0,11 para o peso à desmama. A herdabilidade materna e a fração da variância fenotípica devida ao ambiente permanente da vaca aumentou do nascimento a desmama, concordando com os resultados obtidos por Eler et al. (2000) e Albuquerque e Meyer (2001) para animais Nelore e Iwaisaki et al. (2005) para bovinos da raça Gelbvieh.

Análise multi-característica

As estimativas de herdabilidade direta para PN e PD variaram de 0,15 a 0,25 entre os GEO (Tabela 5). As estimativas de herdabilidade materna também foram diferentes entre GEO, variando de 0,03 a 0,16. As diferentes estimativas de herdabilidade para PN e PD evidenciam a variação genética e ambiental existente entre os GEO estudados, o que implica resposta à seleção diferenciada conforme o ambiente de criação dos animais. Conforme DeNise et al. (1988) e Toral et al. (2004), em ambientes distintos a característica pode ser influenciada por conjuntos de genes diferentes, e estes genes podem se expressar com intensidades diferentes, conforme o grau de semelhança ou diferença dentro ou entre ambientes. A herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente a que o animal é submetido, já a variância ambiental é dependente das condições de produção e manejo, desta forma maior variação ambiental contribui para a redução da herdabilidade; maior uniformidade do ambiente irá contribuir para o aumento da herdabilidade (FALCONER; MACKAY, 1996). O componente de variância residual foi maior principalmente nos GEO4 e GEO6 da característica PN e GEO3 e GEO6 para PD, sugerindo que as condições ambientais nestas regiões são mais heterogêneas, o que contribuiu, neste caso, para a redução da herdabilidade.

Diferentes padrões de variação genética de acordo com o ambiente estudado foram reportados por Nephawe et al. (1999) quando estudaram o PN e PD de bovinos Bonsmara

pertencentes a regiões ecológicas da África do Sul as quais se diferenciavam por localização, clima e disponibilidade de pastagens. Em acordo com os resultados obtidos no presente estudo, Lopes et al. (2008), reportaram estimativas contrastantes de herdabilidade direta e materna para o peso de bovinos Nelore de três estados do sul do Brasil. Baseado nesse estudo, os autores afirmaram que a resposta fenotípica das progênes de um mesmo reprodutor poderia ser diferente nos três estados. Em bovinos leiteiros, Zwald et al. (2003) estudaram a avaliação genética da produção de leite de bovinos de 17 países da Europa, África, Oceania e aplicaram o modelo multi-característica de agrupamento de rebanhos. Foram também constatadas diferenças na herdabilidade estimada em cada um dos 7 grupos de países que foram formados. Os mesmos autores enfatizaram as grandes diferenças observadas entre sistemas de manejo, nível de produção e clima de cada grupo, o que também pode explicar as variações observadas em termos de herdabilidade.

Tabela 5. Estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e respectivos desvios-padrão (entre parênteses) obtidos por meio de análise multi-característica para peso ano nascimento (PN) e a desmama (PD) nos seis grupos geoclimáticos.

Item*	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pm}^2	σ_e^2	h_a^2	h_m^2	c^2
PN1	3,742 (0,130)	0,539 (0,023)	0,444 (0,019)	9,712 (0,109)	0,256 (0,008)	0,037 (0,001)	0,030 (0,001)
PN2	3,079 (0,110)	0,565 (0,023)	0,417 (0,018)	9,137 (0,127)	0,233 (0,007)	0,042 (0,001)	0,031 (0,001)
PN3	2,482 (0,098)	0,773 (0,031)	0,183 (0,008)	8,389 (0,124)	0,209 (0,007)	0,065 (0,002)	0,015 (0,000)
PN4	2,333 (0,098)	1,084 (0,046)	0,351 (0,016)	10,999 (0,207)	0,158 (0,006)	0,073 (0,003)	0,023 (0,001)
PN5	2,223 (0,095)	1,024 (0,046)	0,617 (0,027)	7,319 (0,171)	0,198 (0,008)	0,091 (0,004)	0,055 (0,002)
PN6	2,682 (0,111)	1,109 (0,047)	0,638 (0,027)	12,480 (0,233)	0,158 (0,006)	0,065 (0,002)	0,037 (0,001)
PD1	118,697 (4,458)	71,162 (2,551)	62,393 (2,320)	316,936 (3,700)	0,208 (0,007)	0,125 (0,004)	0,109 (0,004)
PD2	105,287 (4,020)	49,365 (2,023)	56,200 (2,240)	284,407 (4,500)	0,212 (0,007)	0,099 (0,004)	0,113 (0,004)
PD3	97,660 (3,907)	47,830 (1,960)	45,147 (1,817)	406,284 (4,903)	0,163 (0,006)	0,080 (0,003)	0,075 (0,003)
PD4	110,672 (4,688)	90,224 (3,745)	26,152 (1,180)	335,982 (6,917)	0,196 (0,008)	0,160 (0,006)	0,465 (0,002)
PD5	165,958 (6,852)	87,869 (3,642)	24,148 (1,081)	367,462 (9,495)	0,2571 (0,009)	0,136 (0,005)	0,037 (0,001)
PD6	118,702 (5,133)	89,136 (3,682)	31,067 (1,394)	411,702 (8,129)	0,182 (0,007)	0,137 (0,005)	0,047 (0,002)

*Ver Tabela 4 para a definição da simbologia utilizada.

Robertson (1959) sugeriram que a GxE tem importância biológica se a correlação genética para a mesma característica em ambientes diferentes é menor que 0,80. No presente estudo, a maior parte das correlações se apresentou abaixo desse limite (Tabela 6). Desta forma a GxE é fator importante a ser considerado na avaliação genética e seleção para PN e PD de bovinos compostos nas regiões estudadas.

Somente entre o GEO1 e GEO2 a correlação genética entre efeitos diretos apresentou-se acima de 0,80. Para o PN a GxE foi de maior importância entre o GEO3 (Bioma Cerrado) e GEO4 (Bioma Amazônia) e entre o GEO5 (Bioma Pampa) e GEO6 (Bioma Mata Atlântica). Já para a o PD, a correlação genética chegou a próximo de zero entre alguns GEO, ou até mesmo negativa entre GEO4 e GEO5, os quais são formados por fazendas localizadas em regiões reconhecidamente contrastantes em termos de clima, solo e vegetação. As baixas correlações indicam que praticamente não existe relação entre os genes que são responsáveis pela expressão do peso nestas regiões. Lopes et al. (2008) reportaram estimativas de correlação genética variando de -0,04 a 0,79 entre o peso de bovinos Nelore de três estados da região sul do Brasil. Esses resultados permitiram aos autores afirmar que a avaliação genética por estado seria mais eficiente para se identificar os animais geneticamente superiores. Outros estudos com bovinos de corte também reportaram correlações genéticas entre regiões abaixo da unidade (BERTRAND; BERGER; WILLHAM, 1985, DE MATTOS; BERTRAND; MISZTAL, 2000, RIBEIRO et al., 2009).

Tabela 6. Coeficientes de correlação genética entre efeitos diretos para as características estudadas entre cada grupo geoclimático.

Item	Peso ao nascimento			Peso a desmama		
	Média	DP	IC95%	Média	DP	IC95%
1 – 2	0,906	0,006	0,894 – 0,919	0,920	0,006	0,906 – 0,933
1 – 3	0,559	0,022	0,514 – 0,601	0,645	0,023	0,601 – 0,692
1 – 4	0,428	0,023	0,383 – 0,475	0,540	0,028	0,486 – 0,594
1 – 5	0,462	0,021	0,420 – 0,504	0,217	0,038	0,139 – 0,291
1 – 6	0,689	0,020	0,648 – 0,729	0,391	0,031	0,333 – 0,452

Continua

Continuação

Tabela 6. Coeficientes de correlação genética entre efeitos diretos para as características estudadas entre cada grupo geoclimático.

Item	Peso ao nascimento			Peso a desmama		
	Média	DP	IC95%	Média	DP	IC95%
2 – 3	0,412	0,019	0,374 – 0,450	0,521	0,021	0,480 – 0,565
2 – 4	0,391	0,021	0,349 – 0,435	0,462	0,026	0,412 – 0,513
2 – 5	0,416	0,020	0,377 – 0,457	0,074	0,036	0,012 – 0,142
2 – 6	0,509	0,016	0,477 – 0,542	0,358	0,029	0,303 – 0,418
3 – 4	0,197	0,021	0,157 – 0,239	0,601	0,034	0,539 – 0,670
3 – 5	0,304	0,021	0,264 – 0,346	0,092	0,035	0,022 – 0,163
3 – 6	0,337	0,020	0,296 – 0,376	0,064	0,028	0,008 – 0,120
4 – 5	0,302	0,021	0,262 – 0,347	-0,025	0,039	-0,105 – 0,048
4 – 6	0,345	0,023	0,310 – 0,399	0,223	0,033	0,158 – 0,290
5 – 6	0,195	0,020	0,155 – 0,235	0,169	0,038	0,094 – 0,245

DP = desvio-padrão, IC95% = intervalo de credibilidade.

Com base nas estimativas de correlação genética apresentadas na Tabela 6, é possível afirmar que há reclassificação dos animais conforme o ambiente em que são criados e avaliados, o que afeta diretamente o processo de seleção. Os resultados apresentados na Tabela 7 ilustram bem o efeito da GxE sobre a seleção dos animais. Mesmo para regiões em que a correlação genética foi próxima da unidade, pode-se constatar que quando maior pressão de seleção é aplicada (menor número de animais selecionados) há significativo viés de seleção tanto para touros como para vacas. Para regiões que apresentaram correlação genética próxima de zero, os problemas em termos de seleção são evidentemente maiores, sendo que para ambos os sexos, somente haveria coincidência de classificação de no máximo 51,51% dos animais. A realização de avaliação genética separada para algumas das regiões estudadas é fortemente recomendada.

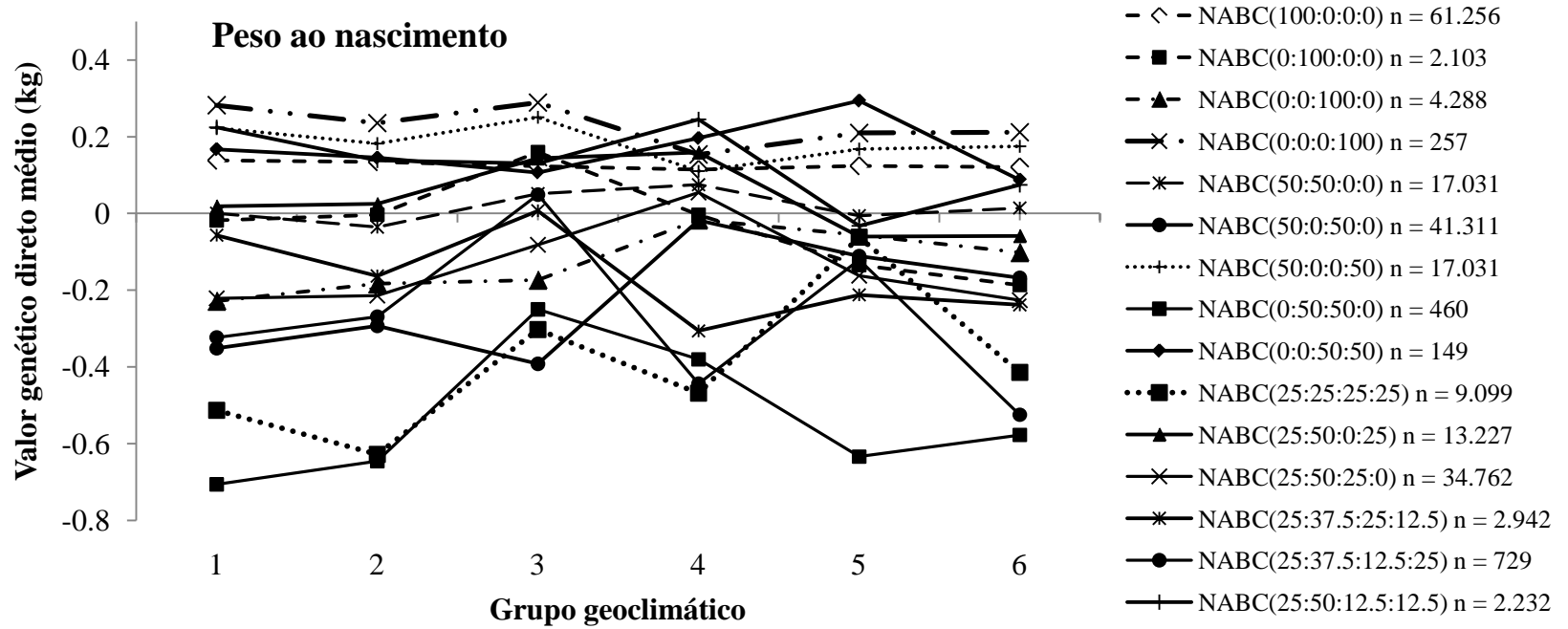
Tabela 7. Porcentagem de touros (com pelo menos 25 progênies) e vacas (com pelo menos uma progênie) selecionados em comum quando diferentes proporções (b) de indivíduos são selecionados para peso a desmama em diferentes grupos geoclimáticos (GEO).

b(%)	Touros		Vacas	
	GEO1 – GEO2	GEO4 – GEO5	GEO1 – GEO2	GEO4 – GEO5
1	50,00	0,00	17,34	0,21
5	36,84	5,26	33,52	3,17
10	39,47	10,53	48,77	5,03
20	54,55	18,18	68,32	12,24
40	66,67	35,29	81,18	32,21
60	75,22	46,96	86,67	51,51

Prospecção de composições raciais

Quando são associados às composições raciais os respectivos valores genéticos diretos e maternos médios dos animais para PN e PD, podem-se visualizar quais dentre as combinações existentes de NABC, apresentam maior potencial para cada região (Figura 2 e 3). As Figuras 2 e 3 ilustram a reclassificação dos animais, baseando-se nas composições raciais. Para facilitar o entendimento, foi mostrado na Figura 2 apenas o desempenho das principais composições raciais incluídas neste estudo.

a)



Continua

Continuação

b)

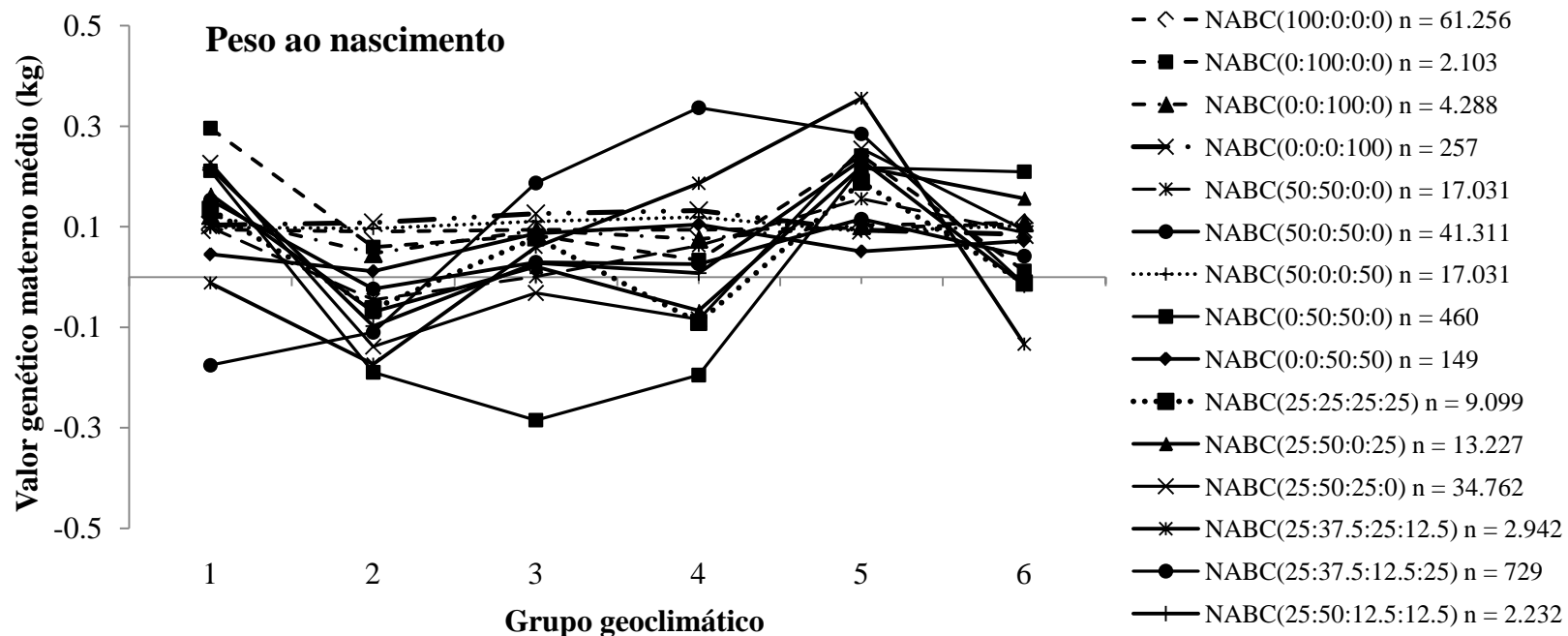
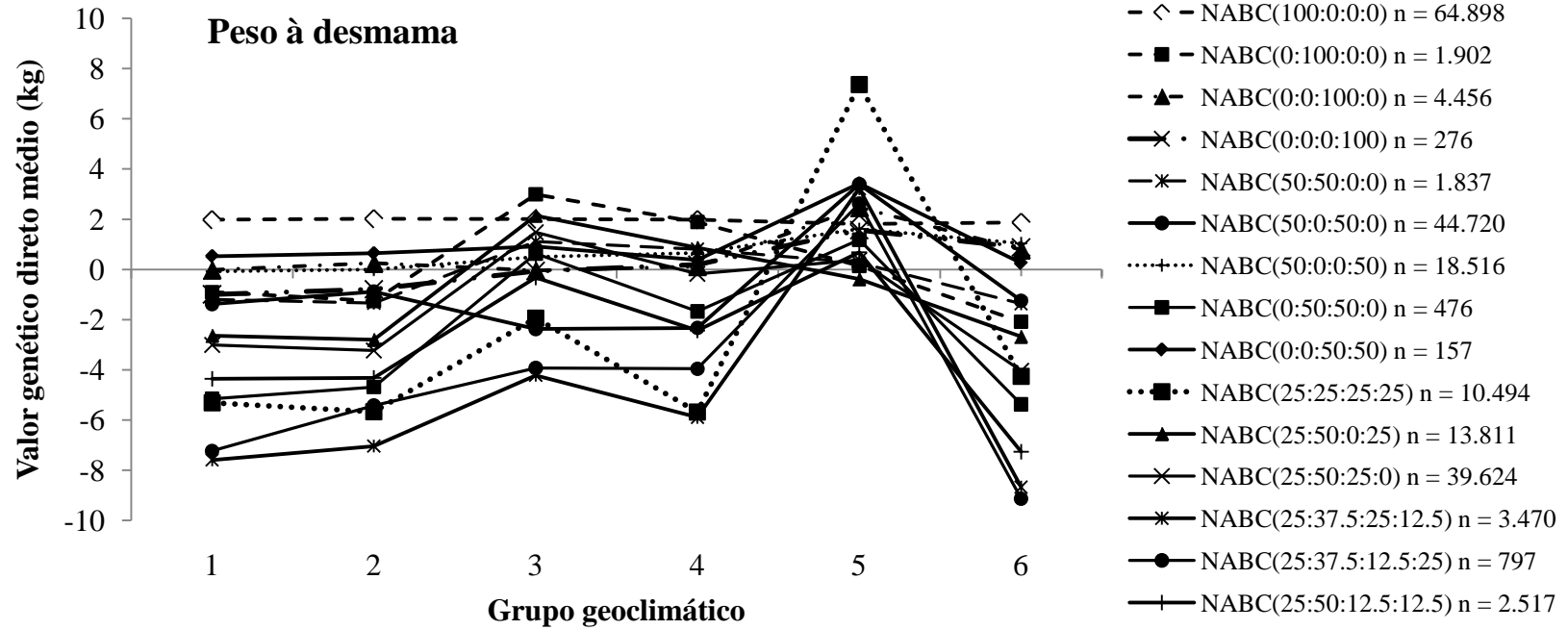


Figura 2. Valores genéticos diretos (a) e maternos (b) médios para peso ao nascimento de cada grupo de animais com mesma composição racial, nos diferentes grupos geoclimáticos. As composições raciais são dadas com porcentagem de cada tipo biológico

a)



Continua

Continuação

b)

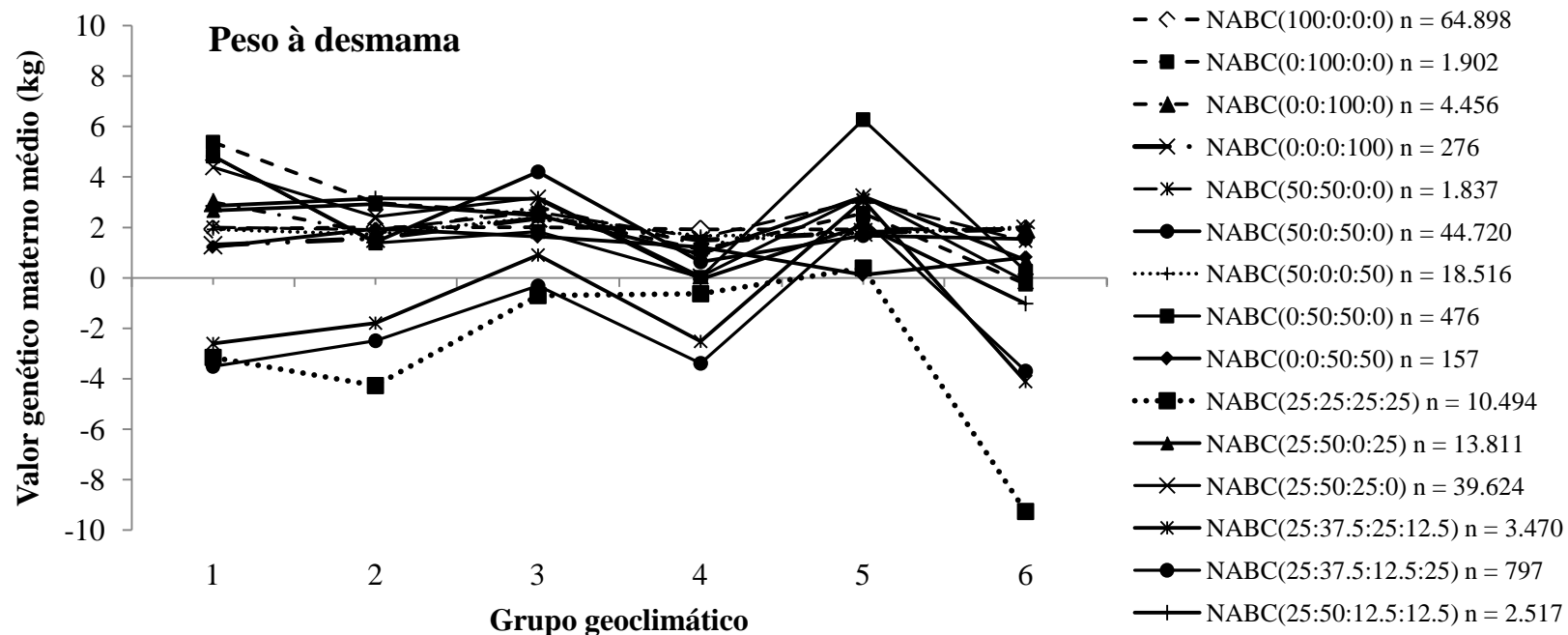


Figura 3. Valores genéticos diretos (a) e maternos (b) médios para peso ao nascimento para cada grupo de animais com mesma composição racial, nos diferentes grupos geoclimáticos. As composições raciais são dadas com porcentagem de cada tipo biológico

O clima predominantemente tropical, sistema de criação a pasto, altas temperaturas e a presença de endo e ectoparasitas nos GEO do presente estudo, impõe limites a expressão das características produtivas e reprodutivas, principalmente em animais de raça pura de origem européia. A combinação de raças, no caso de bovinos compostos pode ser uma alternativa para contornar as adversidades ambientais. De acordo com Wheeler et al. (1996), nenhuma raça se destaca em todas as características que são importantes para a produção de carne, sendo assim diversas raças são necessárias para se explorar a heterose e complementaridade por meio de cruzamentos e para combinar o potencial genético com os diversos mercados, recursos alimentares e climas. Vários trabalhos encontrados na literatura mostram as vantagens das combinações de raças para o aumento da produtividade e eficiência econômica do sistema produtivo de gado de corte (RÍOS-UTRERA et al., 2006, CASAS et al., 2007, WILLIANS et al., 2010). Foi avaliado no presente estudo apenas o valor genético aditivo dos animais, o que permitiu identificar composições raciais que, em geral, apresentam maior ou menor potencial genético para serem criados nos ambientes estudados. Portanto a heterose e complementaridade de raças devem ser consideradas no momento de se planejar os cruzamentos a fim de se obter melhor desempenho das progênies.

Em termos gerais, animais com maior proporção do tipo biológico C apresentaram maior valor genético direto para PN nos GEO (Figura 2a). Para programas de seleção, a utilização intensa de animais desta composição racial, pode contribuir para o aumento do PN da população, o que poderia aumentar a incidência de partos distócicos e reduzir a sobrevivência do bezerro (CUNDIFF et al., 1986). McMorris e Wilton (1986) reportaram que raças continentais foram mais pesadas ao nascimento do que, por exemplo, britânicas. Willians et al. (2010) realizaram um estudo de meta-análise com efeitos de raça e heterose sobre características de crescimento e carcaça de bovinos e verificaram, a exemplo do presente estudo que, raças continentais (Charolês, Limousin, Gelbvieh, Simental) apresentaram maior efeito direto sobre o PN. Animais de composição racial com maior proporção do tipo biológico A e B apresentaram, em geral, menor valor genético direto médio para PN. Essa composição racial pode ser uma interessante alternativa para a redução do PN dos animais nos ambientes estudados. Algumas composições raciais com maior proporção do tipo biológico A (25:50:12,5:12,5 e 25:50:25:0) tiveram valor genético direto mais elevado nos GEO3 e 4. A maior proporção do tipo biológico A, que é

constituído por raças adaptadas ao clima tropical/subtropical como Bonsmara e Senepol pode ter favorecido esse aumento.

Diversas composições raciais apresentaram desempenho semelhante quanto à habilidade materna (Figura 2b). É possível verificar que os GEO2, 3 e 4 o valor genético materno médio é de menor magnitude. Estas regiões, basicamente Centro-Oeste e Norte do Brasil, são caracterizadas por temperatura média anual mais alta e também maior precipitação. Em contraste, o GEO5, caracterizado por clima mais ameno, chama a atenção por ter favorecido a expressão da característica para a maior parte das composições raciais. Algumas composições raciais como (25:37,5:12,5:25 e 25:37,5:25:12,5) se destacaram pelo maior valor genético materno nos GEO3, 4 e 5. Outras composições como (0:50:50:0) se destacaram pelo menor valor genético materno nos GEO2, 3 e 4 (regiões quentes e de maior pluviosidade), entretanto essa composição racial apresentou aumento em termos de valor genético materno médio no GEO5 (Bioma Pampa), cujas condições ambientais são mais semelhantes às encontradas nos países europeus.

Semelhantemente ao observado para PN, para PD o valor genético direto e materno médio das composições raciais foi maior no GEO5 (Figura 3a e 3b). A composição racial 100% N se destacou positivamente em todos os GEO, demonstrando para esta característica seu grande potencial produtivo e adaptativo nos trópicos. Animais de composição racial 100% A se destacaram nas regiões mais quentes (GEO3 e GEO4). A combinação do tipo biológico B e C (0:0:50:50) apresentou valor genético direto maior em relação a maioria das composições raciais, podendo ser considerada como uma opção para se elevar o PD dos animais desta população (Figura 3a). Diversos trabalhos têm demonstrado a contribuição das raças europeias continentais e britânicas para características de crescimento (ARANGO; CUNDIFF; VAN VLECK, 2002, CASAS et al., 2010). A combinação dos tipos biológicos A e B se destacou no GEO5 (Figura 3b), indicando que esta combinação apresenta potencial para ser explorada neste ambiente. Já composições raciais como 25:25:25:25 e 25:37,5:12,5:25, a princípio apresentam menor potencial em termos de habilidade materna na maioria dos ambientes estudados.

Animais 100% N apresentaram, em geral, valor genético constante e acima da média em todos os GEO. Conforme Turner (1980) o tipo biológico N (Zebu) apresenta desempenho inquestionável sob o ponto de vista de adaptação ao ambiente tropical. Os animais zebuínos, principalmente da raça Nelore, constituem a base do programa de formação de bovinos compostos do presente banco de dados.

Em síntese, a escolha da composição racial mais adequada é uma questão complexa e particular. Conforme Koger (1980), a combinação de raças mais adequadas varia de uma situação para outra, dependendo do ambiente em questão, da gestão e metas de produção. Os bovinos compostos constituem uma alternativa extremamente interessante para os sistemas de produção, especialmente para aqueles inseridos em regiões tropicais, assim mais pesquisas devem ser realizadas com intuito de verificar o potencial das diferentes combinações de raças para esses ambientes.

5. CONCLUSÕES

Existe variação genética nas características de crescimento pré-desmama estudadas suficiente para permitir resposta à seleção. A resposta seleção para estas características deve variar de acordo com o ambiente em que os animais são criados e selecionados. A baixa correlação genética entre praticamente todas as regiões estudadas, permite-nos sugerir que uma avaliação genética separada para algumas regiões deveria ser realizada a fim de identificar os indivíduos superiores geneticamente. A utilização de cruzamentos fornece grandes oportunidades para os sistemas produtivos de bovinos de corte, em termos produtivos e econômicos.

6. REFERÊNCIAS

AGRITEMPO. **Sistema de monitoramento agrometeorológico**. 2009. Disponível em: <<http://www.agritempo.gov.br>>. Acessado em: 15 dez. 2009.

ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K.. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 d of age in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.79, p.2776-2789, 2001.

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

ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Breed comparisons of Angus, Charolais, Hereford, Jersey, Limousin, Simmental, and South Devon for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.80, p.3123-3132, 2002.

BERTRAND, J.K.; BERGER, P.J.; WILLHAM, R.L. Sire x environment interactions in beef cattle weaning weight field data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.60, p.1396-1402, 1985.

BERTRAND, J.K.; HOUGH, J.D.; BENYSHEK, L.L. Sire x environment interactions and genetic correlations of sire progeny performance across regions in dam-adjusted field data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, p.77–82, 1987.

CARLIN, B.P.; LOUIS, T.A. **Bayes and empirical bayes methods for data analysis**. Chapman and Hall, London, 2000.

CASAS, E. et al. Growth and pubertal development of F1 bulls from Hereford, Angus, Norwegian Red, Swedish Red and White, Friesian, and Wagyu sires. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.85, p.2904-2909, 2007.

CASAS, E. et al. Postweaning growth and carcass traits in crossbred cattle from Hereford, Angus, Brangus, Beefmaster, Bonsmara, and Romosinuano maternal grandsires. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.88, p.102-108, 2010.

CLIMANÁLISE. **Boletim**. Disponível em: <<http://climanalise.cptec.inpe.br/~rclimanl/boletim>>. 2010. Acessado em: 24 ago. 2010.

CUNDIFF, L.V. et al. Between and within-breed genetic analysis of calving traits and survival to weaning in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, 63, p.27-33, 1986.

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

DENISE, S.K. et al. Genetic parameter estimates for preweaning traits of beef cattle in a stressful environment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.66, p.1899-1906, 1988.

DIAS, L.T. et al. Estimation of genetic parameters for weight in different ages in Tabapuã cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, p.1914–1919, 2005.

ELER, J.P. et al. Influence of sire x herd interaction on the estimation of correlation between direct and maternal genetic effects in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, p.1642-1648, 2000.

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

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

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding in beef cattle: evaluation of systems. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.51, p.1224-1242, 1980.

IBGE. **Mapa de biomas e vegetação do Brasil**. 2004. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acessado em: 25 ago. 2010.

IWAISAKI, H. et al. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.83, p.757-763, 2005.

KOGER, M. Effective crossbreeding systems utilizing Zebu cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.50, p.1215-1220, 1980.

LOPES, J.S. et al. Genotype and environment interaction effect on weights at birth, 205 and 550 days of age of Nellore cattle in the South Region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.54-60, 2008.

MCMORRIS, M.R.; WILTON, J.W. Breeding system, cow weight and milk yield effects on various biological variables in beef production. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, p.1361-1372, 1986.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics, Selection, Evolution**, France, v.33, p.487-514, 2001.

MISZTAL, I. et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: 7TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION.

Resumos...Montpellier, France: Communication 28:07.

NEPHAWE, K.A. et al. Sire x ecological region interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal of Animal Science**, South Africa, v.29, p.189-201, 1999.

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

RIBEIRO, S. et al. Influence of genotype x environment interaction on weaning weight in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.61, p.668-675, 2009.

RÍOS-UTRERA, A. et al. Effects of age, weight, and fat slaughter end points on estimates of breed and retained heterosis effects for carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.84, p.63-87, 2006.

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

SAS User's Guide: **Statistics**. Versão 9.2 Edition. 2008. SAS Inst., Inc., Cary, NC.

SPIEGELHALTER, D.J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)**, v.64, p.583-639, 2002.

TESS, M.W. et al. Sire by environment interactions in Simmental-sired calves. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.49, p.964-971, 1979.

TESS, M.W. et al. Sire x environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.59, p.1467-1476, 1984.

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

TURNER, J.W. Genetic and biological aspects of Zebu adaptability. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.50, p.1201-1205, 1980.

WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. A multiple-trait herd cluster model for international dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.83, p.815-821, 2000.

WHEELER, T.L. et al. Characterization of biological types of cattle (Cycle IV): carcass traits and longissimus palatability. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.74:1023-1035, 1996.

ZWALD, N.R. et al. Application of a multiple-trait herd cluster model for genetic evaluation of dairy sires from seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.86, p.376-382, 2003.

CAPÍTULO 2. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE E PROSPECÇÃO DE MELHORES COMPOSIÇÕES RACIAIS DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO PÓS-DESMAMA EM DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL

1. RESUMO

Objetivou-se com o presente estudo caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos de corte compostos no Brasil com relação às variáveis climáticas e geográficas, utilizando técnicas exploratórias multivariadas. Verificar a presença de interação genótipo-ambiente (GxE) nas características pós-desmama ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), perímetro escrotal (PE), musculosidade (MUS), e identificar composições raciais mais adequadas para esses ambientes. Pela análise de agrupamento não-hierárquico foram agrupadas as regiões similares com relação às variáveis ambientais. Foram formados seis grupos de fazendas. O efeito da interação touro-grupo foi testado em análises uni-características ($P < 0,01$), sendo somente significativo para GP e MUS. Foram estimados parâmetros genéticos por meio de análises multi-características, considerando-se a mesma característica como diferente em cada grupo ambiental. Foi verificada heterogeneidade de variância para todas as características. Foram obtidos coeficientes de herdabilidade para GP, PE e MUS entre 0,10 a 0,20, 0,17 a 0,31 e 0,17 a 0,24, respectivamente. As estimativas de correlação genética situaram-se entre 0,31 e 0,93 para GP, 0,64 a 0,89 para PE e entre 0,18 a 0,80 para MUS. A resposta seleção para estas características deve variar de acordo com o ambiente em que os animais são criados e selecionados. Pelas correlações genéticas entre as características nas diversas regiões, constatou-se GxE, indicando que os melhores reprodutores para uma determinada região não são sempre os mesmos para as demais. O valor genético médio de cada grupo de touros de mesma composição racial foi utilizado para identificar as melhores composições para cada região. Em termos gerais, para as características de crescimento e musculosidade, as composições raciais com maiores proporções do tipo biológico adaptado ao clima tropical apresentaram melhor desempenho nos diferentes ambientes brasileiros. Já para a característica reprodutiva PE, animais de composição racial com maior proporção britânica são mais aconselháveis em cruzamentos. Composições raciais com proporção Zebu apresentaram bom desempenho para GP, PE e MUS em praticamente todas as regiões, devido provavelmente a sua adaptação ao ambiente tropical. Para a presente população,

fica claro que, a GxE é um fator importante a ser considerado nas avaliações genéticas e que as melhores composições raciais para uma região não são sempre as mesmas para as demais.

Palavras-chave: análise de agrupamento, bovinos compostos, ganho de peso, interação genótipo x ambiente, perímetro escrotal

2. INTRODUÇÃO

O Brasil apresenta uma grande diversidade de sistemas de produção de bovinos de corte, devido, em parte, a fatores climáticos, geográficos, culturais e econômicos (ELER et al., 2000, TORAL et al., 2004). Esses fatores podem interagir com os diferentes genótipos, resultando no que se denomina interação genótipo x ambiente (GxE). A identificação da GxE é relevante para os programas de melhoramento genético, já que os melhores animais em um determinado ambiente, podem não ter a progênie de melhor desempenho quando esta for criada em ambiente diferente daquele em que os pais foram selecionados. No caso de bovinos de corte compostos as diferentes composições raciais destes animais fornecem uma série de alternativas para os diversos ambientes do Brasil. Identificar a melhor composição racial para cada um desses ambientes é um desafio.

Para o estudo da GxE conforme proposto por Falconer (1952), a definição dos ambientes em que a característica analisada deve ser considerada como diferente é relevante, sendo comum a diferenciação por país, estado ou região (TESS et al., 1984, BERTRAND; HOUGH; BENYSHEK, 1987, CIENFUEGOS-RIVAS et al., 1999, LOPES et al., 2008). Todas estas alternativas são interessantes e válidas, porém há o inconveniente de que regiões similares quanto às variáveis ambientais possam ser consideradas como diferentes. Uma abordagem exploratória multivariada para agrupar regiões específicas por meio de suas características climáticas e/ou geográficas pode ser uma alternativa viável como demonstrado por Weigel e Rekaya (2000) e Ravagnolo e Misztal (2002).

Objetivou-se com o presente estudo: caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos compostos no Brasil com relação às variáveis climáticas e geográficas, utilizando técnicas exploratórias multivariadas. Verificar a presença de GxE nas características pós-desmama ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), perímetro escrotal (PE), musculosidade (MUS) e identificar composições raciais mais adequadas para esses ambientes.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados foram provenientes de animais nascidos entre 1995 e 2008, pertencentes a 33 fazendas situadas em 27 municípios dos estados brasileiros de Goiás (GO), Minas Gerais (MG), Mato Grosso do Sul (MS), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Rio Grande do Sul (RS) e São Paulo (SP), participantes do Programa de Melhoramento Genético do Composto Montana Tropical®, da CFM-Leachman Pecuária Ltda.. Foram obtidas as seguintes informações climáticas históricas de cada município onde se situam as fazendas (AGRITEMPO, 2009): temperatura mínima média anual, máxima média anual e precipitação média anual e as geográficas latitude, longitude e altitude para possibilitar a caracterização dos ambientes de produção.

Com base no programa original de formação do bovino de corte composto, população utilizada no presente estudo, as raças foram pré-agrupadas em função de sua similaridade genética e aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999): o grupo N para as raças zebuínas (*Bos indicus*), representado principalmente pelas raças Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran; o grupo A (*Bos taurus*) para as raças adaptadas ao clima tropical, como Belmont Red, Bonsmara, Romosinuano e Senepol; o grupo B (*Bos taurus*) para as raças européias de origem britânica como Red Angus, Devon e Hereford; o grupo C (*Bos taurus*) para as raças européias de origem continental como Charolesa, Gelbvieh, Simental, Limousin dentre outras.

As pesagens dos animais ao desmame e ao sobreano ocorreram por volta de 205 e 420 dias de idade, respectivamente. Os animais foram mantidos sob regime de pasto, podendo haver suplementação na época seca. As medidas de PE foram feitas transversalmente, na região de maior diâmetro do escroto, com a utilização de fita métrica metálica. A MUS foi avaliada por meio de escores visuais levando-se em conta a massa muscular presente no animal, atribuindo valores de 1 a 6, sendo o escore 6 atribuído a animais mais musculosos. As notas foram atribuídas em observações dentro dos grupos de contemporâneos.

Todas as observações foram previamente ajustadas pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo para composição racial materna, heterozigose individual e materna. Foram excluídas do banco de dados animais sem pedigree, observações que

excederam 3,5 desvios-padrão abaixo ou acima da média geral e grupos contemporâneos que foram formados por menos de 20 animais (Tabela 1).

Caracterização ambiental e definição do número de ambientes

Para a definição do número de ambientes a serem formados para posterior estimação de parâmetros genéticos, foi adotada a seguinte estratégia: foi realizada análise de agrupamento não-hierárquico, utilizando as variáveis ambientais de municípios onde se situam as fazendas, um grupo (ambiente) para ser formado deveria conter número mínimo de 1.000 animais com observações válidas para cada característica. Seis grupos foram formados por meio de análise de agrupamento não-hierárquico pelo procedimento FASTCLUS do programa SAS (2008), baseando-se na distância euclidiana. Conforme Zwald et al. (2003) esse método iterativo garante que as distâncias entre as observações no mesmo grupo serão menores do que as distâncias entre as observações em grupos diferentes. Os parâmetros escolhidos para verificar a qualidade do agrupamento foram o *R-square* e o *root-mean-square standard deviation* (RMSSTD). O *R-square* assume valores entre 0 e 1, com 0 indicando não haver diferenças entre grupos e 1 indicando a máxima diferença entre grupos. O desejável é que o *R-square* seja o mais alto possível. O RMSSTD também assume valores entre 0 e 1, sendo que valores mais baixos são desejáveis, indicando homogeneidade dentro dos grupos formados.

Estimação de parâmetros genéticos para estudo da GxE

Após a definição do número ótimo de grupos, denominados neste momento de geoclimáticos (GEO), foram mantidos no presente banco de dados somente animais filhos de touros que tinham progênes em pelo menos dois destes grupos.

Os modelos estatísticos para GP, PE e MUS incluíram o efeito fixo de grupo de contemporâneos (fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo e sexo), as covariáveis idade do animal à mensuração (efeito linear), idade da mãe ao parto (efeitos linear e quadrático), data Juliana do nascimento (efeito linear, quadrático e cúbico). No modelo para GP, dois grupos de manejo foram incluídos no grupo de contemporâneos (desmama e sobreano) e duas idades à mensuração da característica como covariáveis (efeito linear), a idade a desmama e a idade ao sobreano. Para GP ainda foi incluído o efeito aleatório aditivo materno e permanente materno.

Os parâmetros genéticos foram então estimados nas seguintes análises para o estudo da GxE, utilizando-se o programa AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002), adotando-se o critério de convergência de 10^{-11} :

1) Análise uni-característica (modelo reduzido) em comparação a uma análise uni-característica com o efeito aleatório não-correlacionado de interação touro-GEO (modelo completo). A estatística do teste da razão de verossimilhança (LRT) foi calculada para testar a significância de um modelo i (completo), contendo um parâmetro adicional, comparado com outro modelo j , cujo parâmetro não estava presente:

$LRT = (-2 \log L_i) - (-2 \log L_j)$, sendo L a função de verossimilhança restrita dos modelos. Comparou-se então, o valor obtido para a estatística do LRT com o valor do qui-quadrado (χ^2_{tab}) com um grau de liberdade, e procedeu-se às conclusões da seguinte maneira: se $LRT > \chi^2_{\text{tab}}$ o efeito tinha influência significativa. O nível máximo de significância utilizado foi 1%. O critério de informação Bayesiano (BIC) também foi utilizado para verificar a adequação dos modelos aos dados. O BIC (Schwarz, 1978) é definido como: $BIC = -2 \log L + p[\ln(N)]$, sendo p o número de parâmetros e N o número de observações. Menor valor do BIC indica o melhor modelo.

2) Análise multi-característica, considerando-se a característica em questão (PE, MUS ou GP) como diferente em cada GEO, conforme proposto por Falconer (1952).

Prospecção de composições raciais

O valor genético médio dos animais pertencentes a uma mesma composição racial em cada um dos GEO formados foi utilizado para auxiliar na identificação das melhores composições raciais para cada ambiente.

Sumário do arquivo de dados

Feitas todas as restrições já mencionadas, na Tabela 1 é apresentado o sumário dos arquivos de dados utilizado em todas as análises.

Tabela 1. Sumário do banco de dados de ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), perímetro escrotal (PE) e musculosidade (MUS)

	GP (kg)	PE (cm)	MUS (1 a 6)
Animais com observações	41.842	19.142	48.304
Animais no pedigree	104.950	59.423	115.192
NT	276	217	307
NM	29.242	15.683	33.600
GC	803	393	890
Média	87,23	27,29	4,33
Desvio-padrão	45,95	3,95	1,11

NT = número de touros no banco de dados, NM = número de matrizes no banco de dados, GC = número de grupos de contemporâneos

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Caracterização ambiental e definição do número de ambientes

O valor de *R-square* e RMSSTD foi de 0,72 e 0,58, respectivamente. A utilização da técnica multivariada de agrupamento de fazendas permitiu que fazendas localizadas em municípios de condições ambientais semelhantes fossem agrupadas, independentemente dos limites geográficos dos respectivos estados. Em geral, fazendas localizadas em municípios próximos (Tabela 2 e Figura 1) foram incluídas no mesmo grupo, como Anastácio, Dois Irmãos do Buriti, Miranda e Santa Rita do Pardo (GEO2). Municípios isolados da maioria foram agrupados em grupos particulares, como é o caso de Pelotas e Santana do Livramento (GEO5) e Carlos Chagas (GEO6).

No presente estudo, a maioria das fazendas estava localizada em municípios distintos, evitando a atribuição um valor idêntico de uma determinada variável ambiental para todas as fazendas pertencentes a um mesmo município. Weigel e Rekaya (2000) mencionam que embora o modelo de agrupamento de fazendas seja flexível, em termos do número e tipo de variáveis descritivas que podem ser utilizados, a inclusão de fatores irrelevantes pode levar a erros no desenvolvimento dos grupos. A aquisição de informações fazenda-específica para todas as variáveis (incluindo o clima, tipo de solo, tipo de pastagem, etc) favorece a agregação correta de fazendas.

Tabela 2. Grupos geoclimáticos (GEO), estados e respectivos municípios onde se localizam as fazendas em que os animais foram criados

Legenda	GEO	Estado	Município	NGP	NPE	NMUS	Total
1	1	SP	Araçatuba	278	39	294	
2	1	SP	Guaraci	2.362	442	3.064	
3	1	MS	Ivinhema	5.197	1.728	6.034	
4	1	MS	Naviraí	775	307	781	
5	1	SP	Pirajui	1.22	488	1.247	
6	1	SP	Pontes Gestal	3.252	1.971	4.976	
7	1	SP	Presidente Epitácio	3.847	1.706	3.859	
8	1	MS	Rio Brillhante	851	547	1.31	
9	1	GO	Santa Isabel	449	223	379	45.349
10	2	MS	Anastácio	203	159	180	
11	2	MS	Dois Irmãos do Buriti	1.468	60	2.055	
12	2	MS	Miranda	1.477	497	1.84	
13	2	MS	Santa Rita do Pardo	3.604	1.116	3.181	14.184
14	3	GO	Aporé	1.097	1.168	1.338	
15	3	GO	Britânia	518	183	593	
16	3	MT	Comodoro	168	145	145	
17	3	MS	Jaraguari	-	160	525	
18	3	GO	Jataí	1.107	332	1.144	
19	3	MS	Laguna Carapa	1.461	1.096	2.631	
20	3	GO	Mutunópolis	1.311	422	1.33	
21	3	MS	Ponta Porã	1.28	449	1.417	17.671
22	4	MT	Alta Floresta	2.647	1.779	2.713	
23	4	RO	Ariquemes	832	451	390	
24	4	PA	Cumaru do Norte	290	310	290	9.702
25	5	RS	Pelotas	1.351	752	1.242	
26	5	RS	Santana do Livramento	990	938	945	6.218
27	6	MG	Carlos Chagas	3.807	1.674	4.401	9.882

NGP = número de observações para ganho de peso da desmama ao sobreano; NPE = número de observações para perímetro escrotal; NMUS = número de observações para musculosidade;

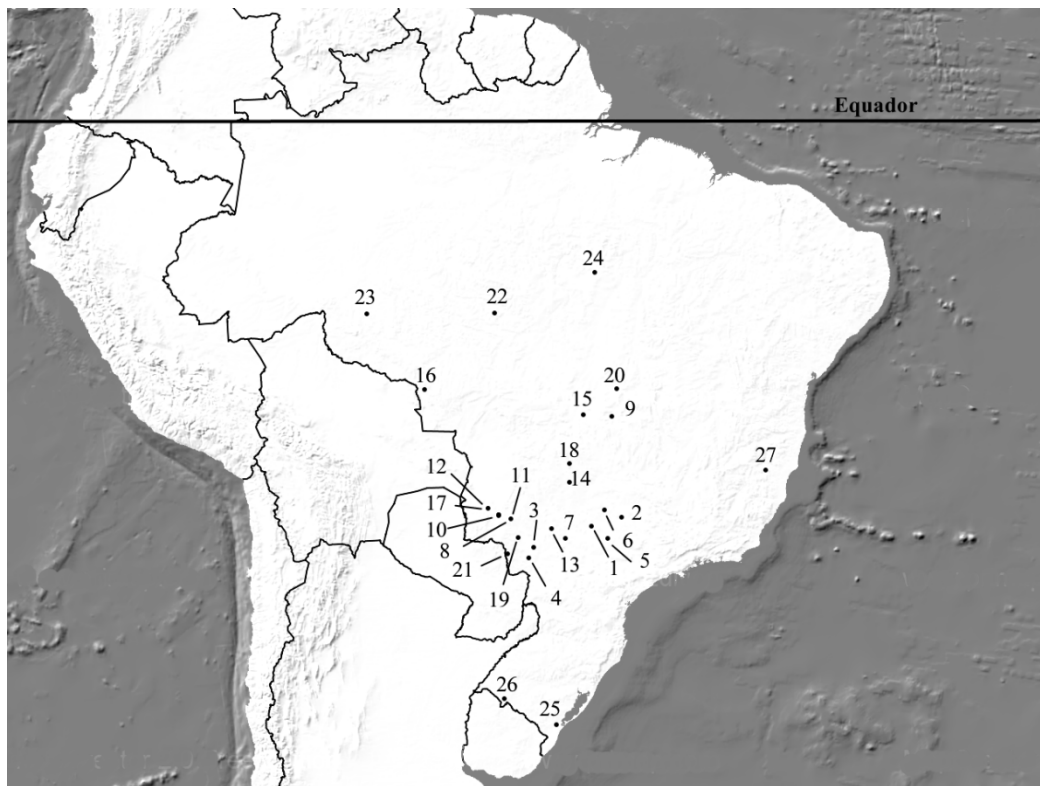


Figura 1. Localização dos municípios (conforme legenda na Tabela 2) onde se situam as fazendas de origem dos animais.

O GEO1, GEO2 e GEO4 se caracterizaram pelas temperaturas médias anuais mais altas, já GEO3 e GEO6 intermediárias e GEO5 mais baixas (Tabela 3). GEO3 e GEO4 apresentaram precipitação anual mais alta em relação aos demais GEO. A precipitação diferiu entre os GEO, conforme esperado, já que, por exemplo, o GEO4 foi formado por fazendas localizadas no Bioma Amazônia, região tida como de alta precipitação, contrastando com GEO6 que está localizado em uma região de menor precipitação pertencente ao Bioma Mata Atlântica (IBGE, 2004, CLIMANÁLISE, 2010). A altitude média de cada GEO foi contrastante, principalmente entre GEO3, formado por fazendas situadas em municípios do planalto central brasileiro e GEO6 situado próximo da faixa litorânea. Com relação ao posicionamento geográfico, os GEO também foram divergentes, com grupos formados por fazendas situadas em municípios mais ao norte do Brasil (GEO4), e também no sul (GEO5), o que explica as diferenças encontradas principalmente em termos de temperatura e precipitação. É importante ressaltar a diversidade de vegetação entre os GEO, apesar deste fator não ter sido incluído neste trabalho como uma variável ambiental. No

caso do Brasil as pastagens nativas têm papel importante para vários sistemas de produção de gado de corte. Neste caso, o tipo de vegetação local está intimamente ligado à qualidade das pastagens que servem de base para a alimentação dos rebanhos. Foram formados GEO tanto na região pertencente ao Bioma Pantanal e Cerrado (GEO2 e GEO3), com vegetação do tipo savana, como também na região pertencente ao Bioma Pampa de vegetação do tipo estepe gramíneo-lenhosa ou arborizada (GEO5).

Tabela 3. Médias das variáveis ambientais para em cada grupo geoclimático (GEO) formado

GEO	Lat	Lon	P	A	TMI	TMA
1	21.26	51.67	1291,56	391,03	17,35	30,17
2	20.92	54.12	1158,33	277,57	19,33	30,85
3	19.38	53.29	1515,27	534,78	16,95	28,46
4	9.52	56.63	1818,20	259,91	18,53	30,19
5	31.28	54.10	1334,38	123,01	14,92	25,20
6	17.70	40.76	1019,77	159,00	17,33	28,66

Lat = latitude (°), Lon = longitude (°), P = precipitação (mm), A = altitude (m), TMI = temperatura mínima média anual (°C), TMA = temperatura máxima média anual (°C).

Estimação de parâmetros genéticos para estudo da GxE

Análise uni-característica

Menores valores de BIC indicam os modelos mais adequados, portanto, no presente estudo, os modelos que incluíram o efeito de touro-GEO para GP e MUS devem ser preferidos para se realizar a avaliação genética (Tabela 4). Burnham e Anderson (1998) mencionam que quando a diferença absoluta entre o BIC de dois modelos é superior a 10 há de fato diferença entre os modelos comparados. No presente caso, a diferença entre o modelo completo e o reduzido de GP e MUS foi de, respectivamente, 64,23 e 101,72. O resultado do LRT foi -76,22, -3,579 e -112,512 respectivamente para GP, PE e MUS sendo significativo a 1% de probabilidade para GP e MUS. Estes resultados evidenciam a importância de se considerar um modelo mais complexo para a avaliação genética do GP e da MUS dos animais desta população. Pode-se constatar que tanto para GP como MUS, omitir o efeito da interação touro-GEO leva à superestimação da variância genética aditiva em respectivamente 25 e 10%, fato também observado por Bertrand; Hough e Benyshek. (1987) e Nesor; Konstantinov e Erasmus (1996).

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade, logaritmo da função de verossimilhança restrita (-2logL) e o critério de informação Bayesiano (BIC), obtidos nos modelos completo e reduzido para as características estudadas.

	Ganho de peso da desmama ao sobreano (kg ²)		Perímetro escrotal (cm ²)		Musculosidade (1 ² a 6 ²)	
	MR	MC	MR	MC	MR	MC
σ_a^2	48,58	36,06	2,29	2,22	0,10	0,09
σ_{tg}^2	-	10,46	-	0,04	-	0,01
σ_m^2	15,76	16,50	-	-	-	-
σ_{pm}^2	8,38	8,54	-	-	-	-
σ_e^2	445,6	449,7	7,29	7,32	0,53	0,54
h_d^2	0,09	0,07	0,24	0,23	0,16	0,14
h_m^2	0,03	0,03	-	-	-	-
c^2	0,01	0,01	-	-	-	-
sg^2	-	0,02	-	0,00	-	0,01
-2logL	274301,01	274224,79	120831,18	120827,60	165395,74	165283,23
BIC	274320,95	274256,72	120850,90	120857,18	165417,31	165315,59

σ_a^2 = variância dos efeitos genéticos aditivos diretos, σ_{tg}^2 = variância da interação touro-grupo geoclimático, σ_m^2 = variância dos efeitos genéticos aditivos maternos, σ_{pm}^2 = variância dos efeitos de ambiente permanente da vaca, σ_e^2 = variância dos efeitos residuais, h_d^2 = herdabilidade direta, h_m^2 = herdabilidade materna, c^2 = fração da variância fenotípica devida ao ambiente permanente da vaca, sg^2 = fração da variância fenotípica devida ao efeito de touro-grupo geoclimático.

As estimativas de herdabilidade para GP obtidas no presente estudo foram inferiores às relatadas na literatura. Gregory; Cundiff e Koch (1995) e Bennett e Gregory (1996) obtiveram estimativas de herdabilidade para ganho de peso pós-desmama de bovinos compostos (Clay Center nos Estados Unidos da América) entre 0,48 e 0,59. Já Marcondes et al. (2000) obtiveram estimativa de 0,18 para a raça Nelore (Brasil). Cardoso; Cardellino e Campos (2004) relataram estimativa de 0,20 para animais da raça Angus (Brasil). São grandes as diferenças entre as

estimativas de herdabilidade para esta característica, o que se deve, em parte, às diferenças entre raças, sistemas de manejo e ambiente de criação dos animais.

As estimativas de herdabilidade para PE foram menores que as relatadas na literatura, mas mesmo assim indicam que esta característica pode responder à seleção (Tabela 4). Vargas et al. (1998), Eler et al. (2004) e Boligon et al. (2010) obtiveram estimativas para PE entre 0,28 e 0,57, porém todas referentes a animais de raça pura. Burrow (2001) relatou estimativa de 0,37 para PE mensurado ao sobreano em uma raça composta de bovino de corte tropical. As estimativas de herdabilidade para MUS foram semelhantes às relatadas por Bureau et al. (2001), Van Melis et al. (2003) e Shiotsuki et al. (2009), que obtiveram estimativas próximas a 0,20.

Análise multi-característica

As diferentes estimativas de componentes de variância para GP, PE e MUS evidenciam a variação genética existente entre os GEO estudados, o que implica resposta à seleção diferenciada conforme o ambiente de criação dos animais (Tabela 5). Estas diferenças entre as estimativas de herdabilidade refletem a heterogeneidade de variância e também foram relatadas por Weigel e Rekaya (2000), Zwald et al. (2003) e Cerón-Muñoz et al. (2004) em trabalhos com bovinos de leite e por Nephawe et al. (1999), Ibi et al. (2005) e Lopes et al. (2008) para bovinos de corte (Tabela 6). Conforme DeNise et al. (1988) e Toral et al. (2004), em ambientes distintos a característica pode ser influenciada por conjuntos de genes diferentes, e estes genes podem se expressar com intensidades diferentes, conforme o grau de semelhança ou diferença dentro ou entre ambientes.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância para as características estudadas nos grupos geoclimáticos (GEO) formados

GEO	Características							
	GP (kg)				PE (cm ²)		MUS (1 ² a 6 ²)	
	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pm}^2	σ_e^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_a^2	σ_e^2
1	52.41	18.30	4.23	420.31	2.31	7.15	0.10	0.50
2	53.64	1.75	2.16	373.53	2.70	5.81	0.13	0.59
3	107.82	3.93	3.34	512.23	2.57	7.88	0.10	0.59
4	103.11	2.20	2.18	457.32	1.57	7.56	0.14	0.45
5	57.68	1.97	1.91	541.12	1.89	6.00	0.11	0.57
6	93.82	2.14	1.79	414.50	2.70	7.87	0.09	0.41

Ver Tabela 4 para a simbologia utilizada. GP = ganho de peso da desmama ao sobreano, PE = perímetro escrotal, MUS = musculosidade.

Tabela 6. Herdabilidade (diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e respectivos erros-padrão (entre parênteses) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), perímetro escrotal (PE) e musculosidade (MUS) nos grupos geoclimáticos (GEO) formados

	GEO	1	2	3	4	5	6
GP	1	0,10	0,83	0,31	0,49	0,69	0,62
	2		0,13	0,67	0,81	0,90	0,86
	3			0,19	0,89	0,80	0,80
	4				0,20	0,89	0,93
	5					0,04	0,91
	6						0,20
PE	1	0,24	0,89	0,82	0,71	0,81	0,85
	2		0,31	0,80	0,65	0,80	0,79
	3			0,24	0,73	0,74	0,80
	4				0,17	0,64	0,66
	5					0,23	0,77
	6						0,25
MUS	1	0,17	0,80	0,76	0,59	0,28	0,35
	2		0,18	0,80	0,53	0,30	0,42
	3			0,14	0,58	0,34	0,35
	4				0,24	0,35	0,49
	5					0,17	0,18
	6						0,18

Para GP, a menor estimativa de herdabilidade foi obtida para a região 5 (extremo sul do Brasil), fato que pode ser explicado por práticas inadequadas de manejo no período pós-desmama ou ambiente desfavorável para o crescimento dos animais, impossibilitando os mesmos expressarem seu potencial genético (Tabela 6). A maior estimativa de herdabilidade foi obtida para a região 4 e 6, implicando que as condições ambientais nestas localidades favoreceram a expressão desta característica. Segundo Falconer e Mackay (1996), a herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente a que o animal é submetido, enquanto a variância ambiental é dependente das condições de produção e manejo – maior variação ambiental reduz a herdabilidade; mais uniformidade do ambiente provoca aumento da herdabilidade.

Conforme Robertson (1959) estimativa de correlação genética abaixo de 0,80 seria indício da existência da GxE. A GxE foi mais expressiva para GP entre GEO1- GEO3, GEO1-GEO4, GEO2-GEO3, os quais apresentaram menor correlação genética. Desta forma os produtores destas regiões devem estar atentos, pois a classificação dos melhores animais pode mudar de acordo com a região. DeNise e Torabi. (1989), em trabalho com bovinos Hereford, relataram que os parâmetros genéticos para peso e ganho de peso pós-desmama mudam em resposta ao ambiente e também entre sexo, o que pode levar a estimação não acurada dos parâmetros quando não são considerados estes fatores. Os autores ainda afirmaram que uma avaliação adicional das características produtivas sob ambientes desfavoráveis pode ser útil para refinar a avaliação genética de reprodutores.

Na Tabela 7, são apresentados os percentuais de touros selecionados em comum quando diferentes proporções de indivíduos são selecionadas para GP no GEO-1 e demais GEO.

Tabela 7. Percentuais de touros (com pelo menos 20 progênies) selecionados em comum quando diferentes proporções (b) dos melhores indivíduos avaliados para ganho de peso da desmama ao sobreano são selecionados no GEO1 e demais GEO.

b(%)	1 – 2	1 – 3	1 – 4	1 – 5	1 – 6
1	60	20	20	60	40
5	63	21	42	58	54
10	78	36	50	68	60
20	83	43	61	76	71
40	85	60	71	83	77
60	100	76	83	91	87

Nota-se pela Tabela 7 que menos touros em comum são selecionados para GP no GEO1 e demais GEO, principalmente quando menor b é praticado. Assim, em geral, sob menor b, os melhores touros para uma determinada região não o são para as demais, mesmo para aquelas regiões onde, aparentemente, não se constatou GxE significativa como, por exemplo, entre GEO1 e GEO2.

A estimativa de herdabilidade para PE foi menor no GEO4, formado por fazendas situadas em municípios da região mais quente e úmida do Brasil. Esta estimativa pode ser justificada por esta característica ser influenciada negativamente pela temperatura e umidade ambiental (NELSEN et al., 1986, GODFREY et al., 1990). Godfrey et al. (1990) relataram que o tamanho dos testículos de touros da raça Hereford foram menores nos meses mais quentes do ano, em contrapartida foram maiores nos meses mais frios. Os mesmos autores ainda observaram grande influência do fotoperíodo no crescimento testicular. No caso do GEO4, a variação no fotoperíodo durante o ano é menor do que nas demais regiões, já que se trata de uma região localizada próxima à linha do Equador. Pode-se verificar que apesar de não ter sido constatada GxE significativa pelo LRT em análise uni-característica, conforme o critério de Robertson (1959) há indício de GxE entre alguns GEO para PE pela análise multi-característica. Em virtude da diversidade ambiental entre GEO, não se deve descartar a influência ambiental na expressão desta característica, o que torna importante o uso de diferentes metodologias para a investigação da presença ou ausência desta interação.

Semelhantemente ao observado para GP, maior estimativa de herdabilidade para MUS foi obtida no GEO4. Para esta característica, a combinação de alta temperatura e precipitação parece favorecer a expressão da mesma, proporcionando condições ambientais mais adequadas como, por exemplo, o crescimento da forragem e/ou a redução do número de parasitas.

Pelas estimativas de correlação genética para MUS pode-se constatar a existência de GxE para esta característica. A interação foi mais expressiva entre os GEO5 (extremo sul) e GEO6 (sudeste) e destes com os demais, portanto os melhores animais para MUS em uma determinada região, em geral, não o são para as demais. Com base nesses resultados, pode ser necessário realizar análises genéticas separadas para algumas regiões para se avaliar os animais corretamente ou então incluir o efeito da GxE no modelo estatístico.

Prospecção de composições raciais

Quando são associados às composições raciais os respectivos valores genéticos médios dos animais, podem-se visualizar quais dentre as combinações existentes de NABC, apresentam maior potencial para cada região (Figura 2). Para facilitar o entendimento, foi mostrado na Figura 2 apenas o desempenho das principais composições raciais incluídas neste estudo.

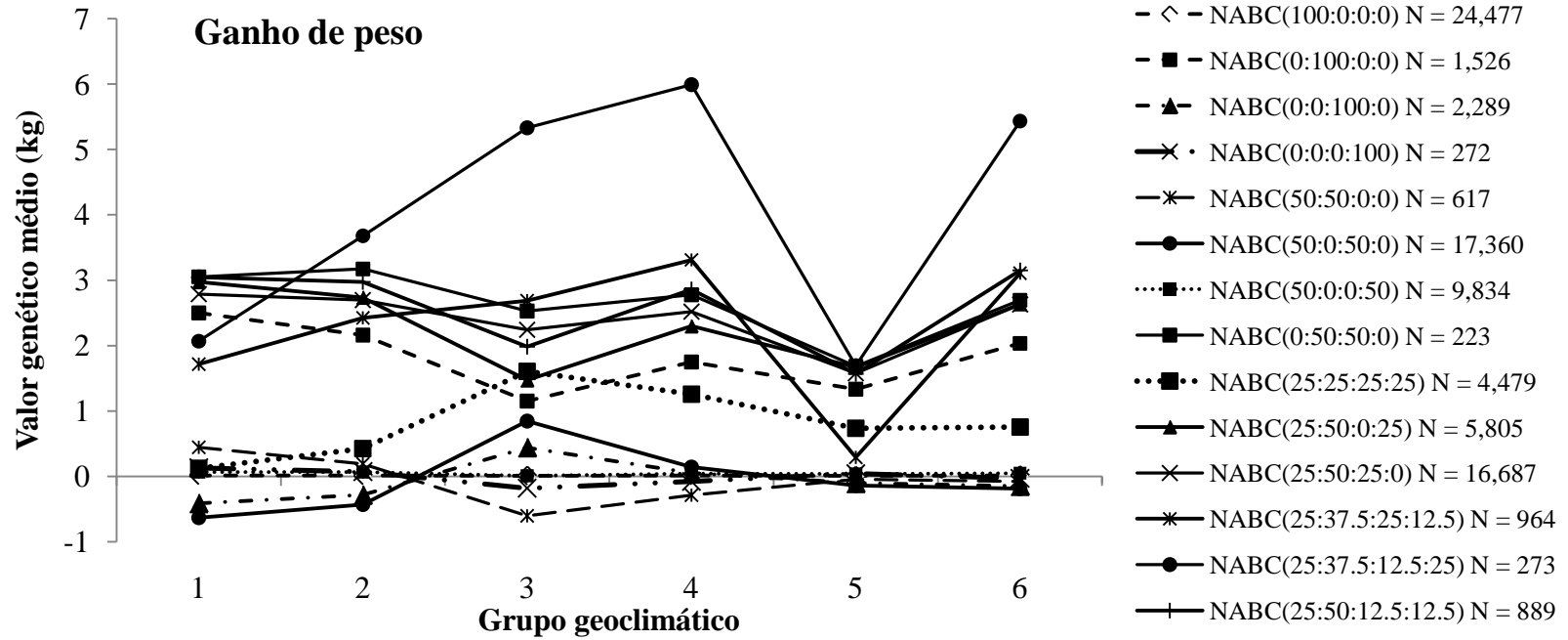
O clima predominantemente tropical, sistema de criação a pasto, altas temperaturas e a presença de endo e ectoparasitas nos GEO do presente estudo, impõe limites a expressão das características produtivas e reprodutivas, principalmente em animais de raça pura de origem européia. A combinação de raças, no caso de bovinos compostos pode ser uma alternativa para contornar as adversidades ambientais. Em geral os animais cruzados apresentaram maior valor genético aditivo médio em todos os GEO, refletindo o melhor desempenho destes animais nos diferentes ambientes estudados (Figura 2). De acordo com Wheeler et al. (1996), nenhuma raça se destaca em todas as características que são importantes para a produção de carne, sendo assim diversas raças são necessárias para se explorar a heterose e complementaridade por meio de cruzamentos e para combinar o potencial genético com os diversos mercados, recursos alimentares e climas. Vários trabalhos encontrados na literatura mostram as vantagens das combinações de raças para o aumento da produtividade e eficiência econômica do sistema produtivo de gado de corte (RÍOS-UTRERA et al., 2006, CASAS et al., 2007, WILLIAMS et al., 2010). Foi avaliado no presente estudo apenas o valor genético aditivo dos animais, o que permitiu identificar composições raciais que, em geral, apresentam maior ou menor potencial genético para serem criados nos ambientes estudados. Portanto a heterose e complementaridade de raças devem ser consideradas no momento de se planejar os cruzamentos a fim de se obter melhor desempenho das progênies.

Algumas das composições raciais (dadas como porcentagem de cada tipo biológico) que apresentaram maior potencial genético para GP foram 25:37,5:12,5:25; 0:50:50:0 e 25:50:25:0. Para PE 25:37,5:12,5:25; 25:37,5:25:12 e 25:25:25:25 e para MUS 25:50:25:0; 25:50:12,5:12,5 e 0:50:50:0. Em termos gerais, as composições raciais com maior proporção do tipo biológico A apresentaram bom desempenho nos GEO. Isto deve ocorrer devido ao fato deste tipo biológico ser formado por raças adaptadas ao clima tropical/subtropical como Bonsmara (5/8 Afrikaner, 3/8 raça britânica), Belmont Red (Afrikaner, Hereford-Shorthorn) e Senepol (Red Poll, N'dama). Apesar do desempenho inferior de animais 100% N em relação à maioria das composições

raciais, este foi constante em todos os GEO. Conforme Turner (1980) o tipo biológico N (Zebu) apresenta desempenho inquestionável sob o ponto de vista de adaptação ao ambiente tropical. Os animais zebuínos, principalmente da raça Nelore, constituem a base do programa de formação de bovinos compostos do presente banco de dados.

Animais de tipo biológico 100% europeu (B ou C) apresentaram, em geral, baixo valor genético médio nos GEO. Portanto os tipos biológicos B e C devem ser utilizados em combinação com outros para que melhores desempenhos possam ser obtidos nas condições ambientais estudadas. Butts et al. (1971), em estudo com 2 linhas de bovinos Hereford nos U.S., verificaram diferenças significativas no desempenho desses animais quando foram transferidos para regiões de localização oposta com características ambientais distintas. Hammond et al. (1996) constataram superioridade em termos de resistência ao calor de bovinos adaptados ao ambiente tropical (Senepol, Romosinuano) em relação a animais Angus. Os mesmos autores observaram maior ganho de peso médio diário no período de verão para animais Brahman e Senepol em comparação a animais Angus. O estudo de Prayaga (2003) confirma os achados do presente estudo, relatando que animais Zebu e seus cruzamentos com raças taurinas resultam em animais com melhor adaptação em relação a animais de raças puras *Bos taurus*, apresentando melhor desempenho em ambiente tropical.

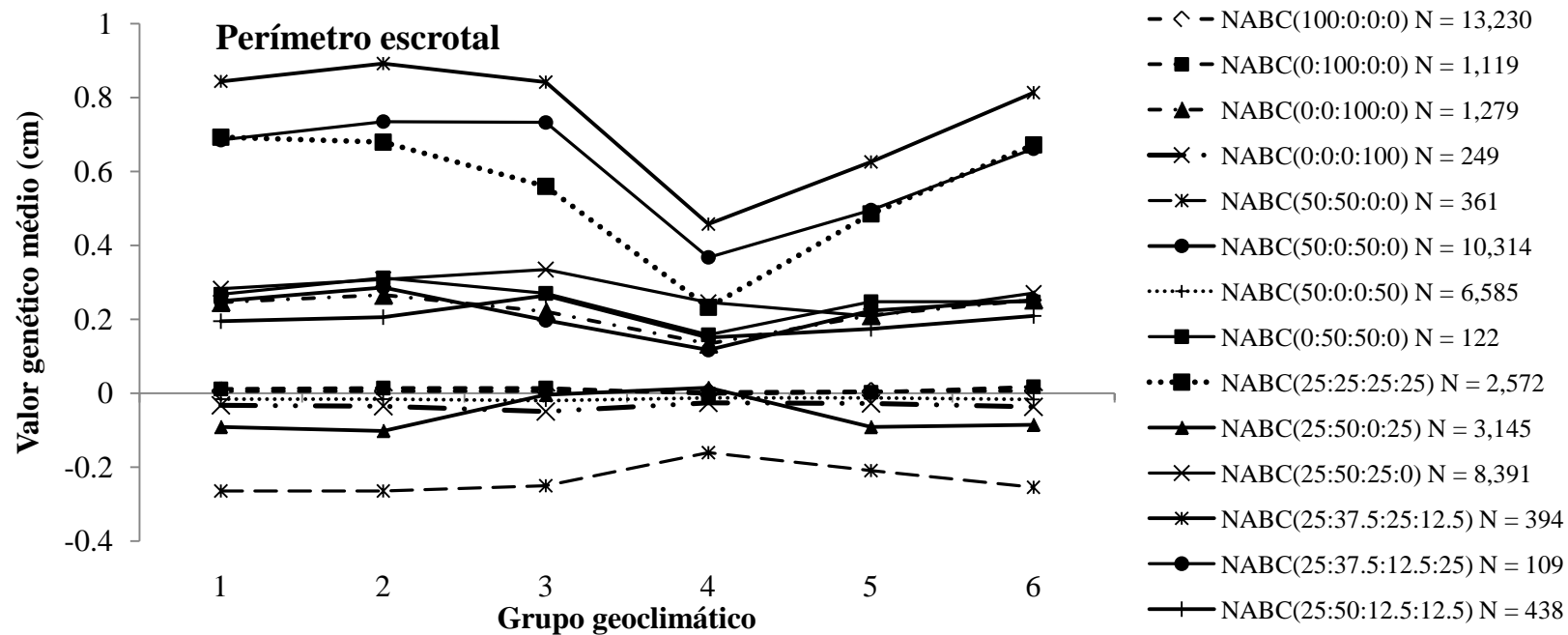
a)



Continua

Continuação

b)



Continua

Continuação

c)

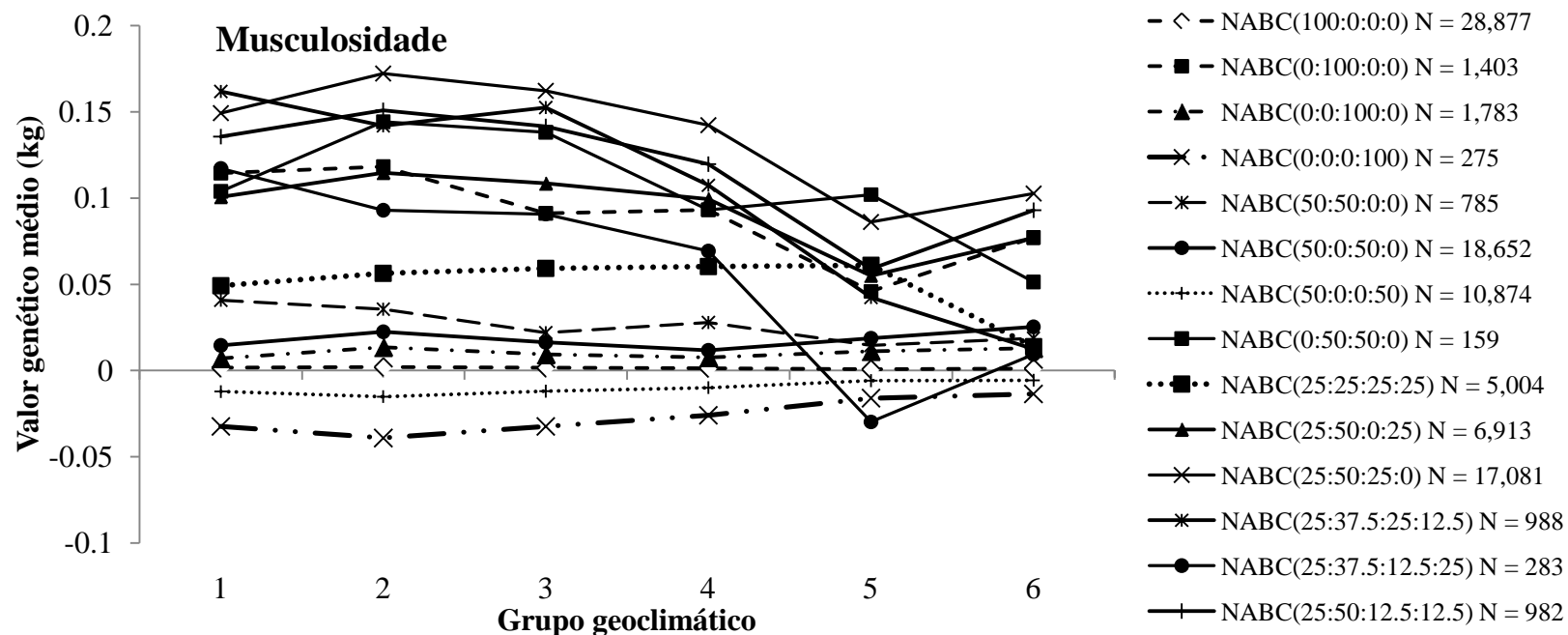


Figura 2. Valores genéticos médios para ganho de peso da desmama ao sobreano (a), perímetro escrotal (b) e musculosidade (c) para cada grupo de animais com mesma composição racial, nos diferentes GEO. As composições raciais são dadas com porcentagem de cada tipo biológico

A escolha da composição racial mais adequada para cada região é uma questão muito complexa. Algumas sugestões foram dadas aqui, embora não sejam definitivas e não exploram todo o assunto. Conforme Koger (1980), a combinação de raças mais adequadas varia de uma situação para outra, dependendo do ambiente em questão, da gestão e metas de produção. As características mais importantes que determinam a eficácia comparativa das combinações alternativas incluem: (1) adaptabilidade genética para o clima, terreno, programa de manejo, produção e alimentação; (2) características de produção, incluindo a taxa de desmame, habilidade materna, características de crescimento e desempenho em confinamento, e (3) de comercialização de produtos, incluindo novilhos, fêmeas excedentes e vacas de descarte.

5. CONCLUSÕES

Existe variação genética nas características pós-desmama estudadas suficiente para permitir resposta à seleção. A resposta seleção para estas características deve variar de acordo com o ambiente em que os animais são criados. A baixa correlação genética entre regiões sugere uma avaliação genética separada para algumas regiões, o que possibilitaria a identificação dos melhores indivíduos. A utilização de cruzamentos fornece grandes oportunidades para os sistemas produtivos de bovinos de corte, em termos produtivos e econômicos. Animais *Bos taurus* podem contribuir para o progresso genético dos rebanhos de regiões tropicais, no entanto maior benefício pode ser obtido quando incluídos em sistemas de cruzamento.

6. REFERÊNCIAS

AGRITEMPO. **Sistema de monitoramento agrometeorológico**. 2009. Disponível em: <<http://www.agritempo.gov.br>>. Acessado em: 15 dez. 2009.

BENNETT, G.L.; GREGORY, K.E. Genetic (co)variances among birth weight, 200-day weight, and postweaning gain in composites and parental breeds of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.74, p.2598-2611. 1996.

BERTRAND, J.K.; HOUGH, J.D.; BENYSHEK, L. L. Sire x environment interactions and genetic correlations of sire progeny performance across regions in dam-adjusted field data. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.64, p.77-82, 1987.

BOLIGON, A.A., et al. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.88, p.1215-1219, 2010.

BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. **Model selection and inference: a practical information-theoretic approach**. Springer-Verlag, New York, 1998.

BURROW, H.M. Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, Shannon, v.70, p.213-233, 2001.

BUTTS, W.T. et al. 1971. Performance of two lines of Hereford cattle in two environments. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.33, p.923-932, 1971.

CASAS, E. et al. Growth and pubertal development of F1 bulls from Hereford, Angus, Norwegian Red, Swedish Red and White, Friesian, and Wagyu sires. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.85, p.2904-2909, 2007.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. (Co) variance components and genetic parameters of post-weaning traits in Angus cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, p.313-319, 2004.

CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.87, p.2687-2692, 2004.

CIENFUEGOS-RIVAS, E.G. et al. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.82, p. 2218-2223, 1999.

CLIMANÁLISE. **Boletim**. Disponível em: <<http://climanalise.cptec.inpe.br/~rclimanl/boletim>>. 2010. Acessado em: 24 ago. 2010.

DENISE, S.K. et al. Genetic parameter estimates for preweaning traits of beef cattle in a stressful environment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.66, p.1899-1906, 1988.

DENISE, S.K. et al. Genetic parameter estimates for postweaning traits of beef cattle in a stressful environment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.67, p.2619-2626, 1989.

DIAS, J.C. et al. Correlações genéticas e fenotípicas entre características reprodutivas e produtivas de touros da raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.53-59, 2008.

ELER, J.P. et al. Influence of sire x herd interaction on the estimation of correlation between direct and maternal genetic effects in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, p.1642-1648, 2000.

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

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

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999.

GODFREY, R.W. et al. Effect of location and season on body and testicular growth in Brahman and Hereford bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.68, p.1520-1529, 1990.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.73, p.1920-1926, 1995.

HAMMOND, A.C. et al. Heat tolerance in two tropically adapted *Bos taurus* breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.74, p.295-303, 1996.

IBGE. **Mapa de biomas e vegetação do Brasil**. 2004. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acessado em: 25 ago. 2010.

IBI, T. et al. Genotype x environment interaction effects on carcass traits in Japanese Black cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.83, p.1503-1510, 2005.

KOGER, M. Effective crossbreeding systems utilizing Zebu cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.50, p.1215–1220, 1980.

LOPES, J.S. et al. Genotype and environment interaction effect on weights at birth, 205 and 550 days of age of Nellore cattle in the South Region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.54–60, 2008.

MARCONDES, C.R. et al. 2000. Analysis of some selection criteria for growth traits in Nellore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.52, p.83-89, 2000.

MISZTAL, I. et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: 7TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION. **Resumos...** Montpellier, France: Communication 28:07.

NELSEN, T.C. et al. Heritabilities and genetic correlations of growth and reproductive measurements in Hereford bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.63, p.409-417, 1986.

NEPHAWE, K.A. et al. Sire x ecological region interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal of Animal Science**, South Africa, v.29, p.189-201, 1999.

NESER, F.W.C.; KONSTANTINOV, K.V.; ERASMUS, G.J. The inclusion of herd-year-season by sire interaction in the estimation of genetic parameters in Bonsmara cattle. **South African Journal of Animal Science**, South Africa, v.26, p.75-78, 1996.

PRAYAGA, K. C. Evaluation of beef cattle genotypes and estimation of direct and maternal genetic effects in a tropical environment. 2. Adaptive and temperament traits. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.54, p.1027-1038, 2003.

RAVAGNOLO, O.; MISZTAL, I. Studies on genetics of heat tolerance in dairy cattle with reduced weather information via cluster analysis. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.85, p.1586-1589, 2002.

RIBEIRO, S. et al. Influence of genotype x environment interaction on weaning weight in Nellore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.61, p.668-675, 2009.

RÍOS-UTRERA, A. et al. Effects of age, weight, and fat slaughter end points on estimates of breed and retained heterosis effects for carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.84, p.63-87, 2006.

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

SAS User's Guide: **Statistics**. Versão 9.2 Edition. 2008. SAS Inst., Inc., Cary, NC.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, San Francisco, v.6, p.461-464, 1978.

SHIOTSUKI, L. et al. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.87, p.1591-1597, 2009.

TESS, M.W. et al. Sire x environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.59, p.1467-1476, 1984.

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

TURNER, J.W. Genetic and biological aspects of Zebu adaptability. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.50, p.1201-1205, 1980.

VAN MELIS, M.H. et al. Estimaco de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, p.1624-1632, 2003.

VARGAS, C.A. et al. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers, and hip height in Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2536-254, 1998.

WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. A multiple-trait herd cluster model for international dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.83, p.815-821, 2000.

WHEELER, T.L. et al. Characterization of biological types of cattle (Cycle IV): carcass traits and longissimus palatability. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.74:1023-1035, 1996.

WILLIAMS, J.L. et al. Estimation of breed and heterosis effects for growth and carcass traits in cattle using published crossbreeding studies. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.88, p.460-466, 2010.

ZWALD, N.R. et al. Application of a multiple-trait herd cluster model for genetic evaluation of dairy sires from seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.86, p.376-382, 2003.

CAPÍTULO 3. SENSIBILIDADE AMBIENTAL DO DESEMPENHO DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS VIA NORMAS DE REAÇÃO

1. RESUMO

Objetivou-se com o presente estudo foi verificar a presença de GxE e caracterizar a sensibilidade ambiental do peso ao nascimento (PN) e a desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e perímetro escrotal (PE) de bovinos de corte compostos via normas de reação. Os dados utilizados foram provenientes de animais nascidos entre 1995 e 2008, pertencentes a 27 fazendas situadas nas regiões Centro-Oeste, Norte, Sudeste e Sul do Brasil. Foi utilizado um modelo hierárquico de norma de reação sob abordagem Bayesiana para estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos. Os gradientes ambientais baseados nas soluções para o efeito de grupo de contemporâneos para PN, PD, GP e PE foram -6,45 a +4,75 kg, -65 a +65 kg, -72 a +112 kg e -6.5 a +5.5 cm, respectivamente. As estimativas de herdabilidade foram crescentes no gradiente ambiental, PN (0,04 a 0,55), PD (0,39 a 0,47), GP (0,01 a 0,43) e PE (0,21 a 0,23). A correlação entre o nível e a inclinação da norma de reação para PN e GP foi de alta magnitude, indicando que os animais de maior valor genético médio foram os que apresentaram maior resposta à melhoria das condições ambientais, caracterizando o efeito de escala na GxE. Para PD e PE, a correlação entre intercepto e inclinação foi baixa implicando reclassificação dos animais em ambientes diferentes. O modelo hierárquico de normas de reação é útil para descrever alterações nos componentes de variância decorrentes do ambiente e para descrever a presença de GxE nas características estudadas de bovinos compostos. Existe variação genética com respeito à sensibilidade dos animais, o que possibilita a seleção de genótipos mais plásticos ou robustos.

Palavras-chave: correlação genética, interação genótipo ambiente, normas de reação, peso a desmama, sensibilidade ambiental

2. INTRODUÇÃO

A sensibilidade ambiental ou plasticidade fenotípica é demonstrada por um genótipo quando seu fenótipo pode ser alterado por influências ambientais (BRADSHAW, 1965). As modificações no desempenho dos animais de acordo com o ambiente em que são criados

caracterizam o que se denomina interação genótipo ambiente (GxE). A GxE pode provocar reclassificação ou mudança na magnitude das diferenças do mérito genético dos indivíduos, sendo assim importante em termos produtivos e econômicos.

Existem várias maneiras de se abordar e detectar a GxE. Dentre as abordagens mais utilizadas atualmente, as normas de reação têm se destacado por possibilitar a visualização da trajetória do desempenho animal em função do ambiente, descrevendo assim a sensibilidade ambiental (VIA; LANDE, 1985, KIRKPATRICK; HECKMAN, 1989). Desta forma as normas de reação podem indicar onde ocorre e qual a magnitude da GxE.

A norma de reação pode ser obtida por meio de regressão aleatória sobre uma variável descritora do ambiente (KOLMODIN et al., 2002, FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003). A variável ambiental (tratada como covariável) é desconhecida e tradicionalmente definida como o desempenho fenotípico médio dos animais em cada ambiente, o que segundo Su et al. (2006) pode levar a erros na estimação dos parâmetros genéticos. Para contornar este problema os mesmos autores propuseram estimar os valores ambientais simultaneamente com outros parâmetros do modelo o que resultou em estimativas mais acuradas dos parâmetros genéticos.

No caso de bovinos de corte compostos, as diferentes composições raciais fornecem inúmeras alternativas genéticas aos mais diversos ambientes. Poucos estudos contemplaram a GxE no desempenho desses animais. Diante disto objetivou-se com este estudo foi verificar a presença de GxE e caracterizar a sensibilidade ambiental do peso ao nascimento (PN) e a desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e perímetro escrotal (PE) de bovinos de corte compostos via normas de reação.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados foram provenientes de animais nascidos entre 1995 e 2008, pertencentes a 27 fazendas situadas entre latitude -7 e -31°, longitude -40 a -63°, nos estados brasileiros de Goiás (GO), Minas Gerais (MG), Mato Grosso do Sul (MS), Mato Grosso (MT), Pará (PA), Rio Grande do Sul (RS) e São Paulo (SP) (Figura 1). As fazendas estão distribuídas em praticamente todos os biomas brasileiros: Amazônia, Cerrado, Pantanal, Mata Atlântica e Pampa as quais apresentam grandes diferenças quanto às condições de clima, solo e vegetação. Todas as fazendas participam ou participaram do Programa de Melhoramento Genético do Composto Montana Tropical[®], da CFM-Leachman Pecuária Ltda.

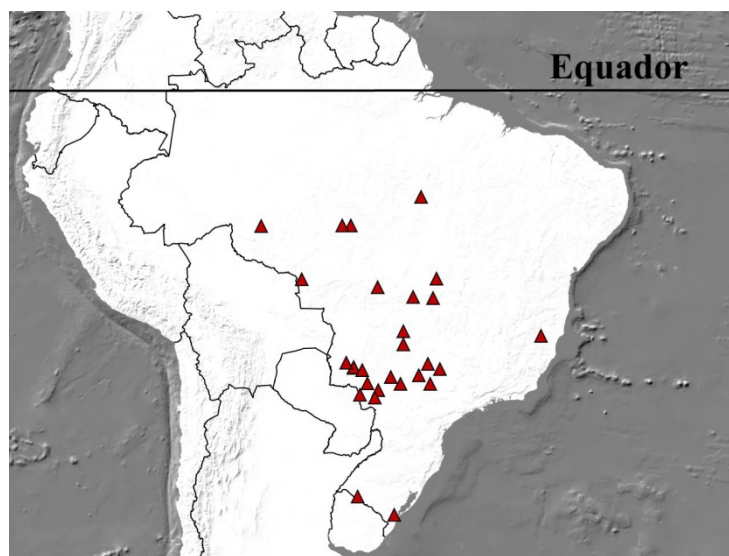


Figura 1. Localização dos municípios onde se situam as fazendas de origem dos animais.

Com base no programa original de formação do bovino de corte composto, população utilizada no presente estudo, as raças foram pré-agrupadas em função de sua similaridade genética e aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999): o grupo N para as raças zebuínas (*Bos indicus*), representado principalmente pelas raças Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran; o grupo A (*Bos taurus*) para as raças adaptadas ao clima tropical, como Belmont Red, Bonsmara, Romosinuano e Senepol; o grupo B (*Bos taurus*) para as raças européias de origem britânica como Red Angus, Devon e Hereford; o grupo C (*Bos taurus*) para as raças européias de origem continental como Charolesa, Gelbvieh, Simental, Limousin dentre outras.

As pesagens dos animais ao desmame e ao sobreano ocorreram por volta de 205 e 420 dias de idade, respectivamente. Os animais foram mantidos sob regime de pasto, podendo haver suplementação na época seca. As medidas de PE foram feitas transversalmente, na região de maior diâmetro do escroto, com a utilização de fita métrica metálica.

Todas as observações foram previamente ajustadas pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Universidade de São Paulo para composição racial materna, heterozigose individual e materna. Foram excluídos do banco de dados animais sem pedigree, touros com menos de cinco progênes e observações que excederam 3,5 desvios-padrão abaixo ou acima da

média geral. Grupos contemporâneos que foram formados por menos de 20 animais e com todos os animais filhos de um único touro também foram excluídos (Tabela 1).

Tabela 1. Estrutura do arquivo de dados.

Item	PN (kg)	PD (kg)	GP (kg)	PE (cm)
Número de observações	118.063	104.875	42.079	19.142
Animais no pedigree	182.636	174.279	105.408	59.423
Touros no pedigree	1.526	2.038	1.652	1.368
Vacas no pedigree	75.413	55.308	64.847	38.960
Touros no banco de dados	346	883	279	217
Vacas no banco de dados	70.158	48.755	29.397	15.683
Grupos de contemporâneos	1.148	2.318	807	394
Média	30.90	196.44	87.24	27.29
Desvio-padrão	4.05	36.70	45.93	3.95

PN = peso ao nascimento, PD = peso a desmama, GP = ganho de peso da desmama ao sobreano, PE = perímetro escrotal.

Os modelos estatísticos para PN, PD, GP e PE incluíram o efeito de grupo de contemporâneos (fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo e sexo) e as covariáveis idade do animal à mensuração (efeito linear), idade da mãe ao parto (efeitos linear e quadrático), data Juliana do nascimento (efeito linear, quadrático e cúbico). No modelo para GP, dois grupos de manejo foram incluídos no grupo de contemporâneos (desmama e sobreano) e duas idades à mensuração da característica como covariáveis, a idade do animal à desmama e ao sobreano.

Conforme proposto por Su et al. (2006), foi utilizado para estimação de parâmetros genéticos e estudo da GxE o seguinte modelo hierárquico de norma de reação: $y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + b_i X(gc)_j + m_i + mp_i + e_{ij}$, em que y_{ij} é a observação do animal i no ambiente j ; β , o vetor de efeitos fixos; x'_i , o vetor de incidência correspondente; X_j , efeito do ambiente aleatório [grupo de contemporâneos (gc), $gc_j \sim N(0, \sigma_{gc}^2)$]; a_i , valor genético aditivo direto do intercepto ou nível aleatório da norma de reação animal i ; b_i , coeficiente de regressão aleatória ou inclinação da norma de reação do animal i no ambiente representado por

X_j ; m_i , efeito genético aditivo materno; mp_i , efeito de ambiente permanente materno e e_{ij} o resíduo, $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$ considerado homocedástico. Neste modelo X_j e b_i são estimados conjuntamente.

A variância genética aditiva no ambiente X ($\sigma_a^2 | X$) foi estimada por $\sigma_a^2 | X = \text{var}(a_i + b_i X) = \sigma_a^2 + X^2 \sigma_b^2 + 2X \sigma_{ab}$. A herdabilidade direta para o caso de uma característica com efeito materno e permanente materno foi obtida por $h_a^2 = \frac{\sigma_a^2 | X}{\sigma_a^2 | X + \sigma_m^2 + \sigma_{mp}^2 + \sigma_{gc}^2 + \sigma_e^2}$, em que $\sigma_a^2 | X$, σ_m^2 , σ_{mp}^2 , σ_{gc}^2 e σ_e^2 são variâncias devidas ao efeito genético aditivo direto no ambiente X, materno, permanente materno e grupo de contemporâneos. A herdabilidade materna (h_m^2) e a proporção da variância fenotípica devida ao efeito de ambiente permanente materno (c^2) foram obtidas de maneira análoga. Maiores detalhes sobre modelos de norma de reação podem ser encontrados em Su et al. (2006).

Os componentes de (co)variância foram obtidos utilizando-se abordagem Bayesiana, por meio do programa INTERGEN (CARDOSO, 2010). A análise executada consistiu de uma única cadeia de 550.000 ciclos, com burn-in conservativo de 50.000 ciclos. O período de descarte amostral foi de 50, assim 10.000 amostras foram efetivamente utilizadas para a obtenção de parâmetros e intervalos de alta densidade. Rotinas desenvolvidas no programa SAS com o procedimento UNIVARIATE (SAS, 2008) foram utilizadas para calcular a média, mediana, moda, desvio-padrão e intervalos de alta densidade.

Para ilustrar a sensibilidade ambiental de cada composição racial foram utilizadas as normas de reação médias dos animais pertencentes a cada uma destas composições.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os gradientes ambientais baseados nas soluções para o efeito de grupo de contemporâneos para PN, PD, GP e PE foram -6,45 a +4,75 kg, -65 a +65 kg, -72 a +112 kg e -6.5 a +5.5 cm, respectivamente.

As estimativas dos componentes de (co)variância para todas as características estudadas são apresentadas na Tabela 2. Já na Tabela 3 e Figura 2 são apresentados os parâmetros genéticos. Em geral, as maiores estimativas de herdabilidade direta foram obtidas em ambientes

favoráveis extremos (Figura 2). Estes resultados estão de acordo com o relatado em estudos com normas de reação em diferentes raças de bovinos de corte (PÉGOLO et al., 2009, CORRÊA; DIONELLO; CARDOSO, 2009, CARDOSO et al., 2011).

Tabela 2. Componentes de (co)variância para as características estudadas.

Item	Peso ao nascimento							
	σ_a^2	σ_{ab}^2	σ_b^2	σ_e^2	σ_m^2	σ_{pm}^2	σ_p^2	σ_{gc}^2
Média	5,03	0,67	0,10	8,80	0,42	-	17,08	2,84
Moda	5,02	0,67	0,10	8,80	0,41	-	17,00	2,83
Mediana	5,02	0,67	0,10	8,80	0,42	-	16,06	2,83
DP	0,20	0,03	0,00	0,11	0,04	-	3,81	0,15
IC 95%	4,65;5,45	0,61;0,74	0,09;0,12	8,56;9,02	0,34;0,51	-	12,63;24,92	2,55;3,16
Peso à desmama								
Média	100,86	1,12	0,07	345,60	51,94	68,28	969,90	284,14
Moda	100,85	1,12	0,07	345,58	51,89	68,08	628,16	284,11
Mediana	100,92	1,12	0,07	345,52	52,06	68,29	924,09	284,02
DP	7,92	0,00	0,00	4,62	4,03	3,75	138,99	12,48
IC 95%	85,83;116,62	0,89;1,37	0,06;0,09	336,35;354,68	43,86;59,84	60,82;75,47	823,07;1317,72	260,28;309,26
Ganho de peso da desmama ao sobreano								
Média	229,40	2,80	0,03	307,46	-	-	2.212,89	1.431,23
Moda	228,11	2,78	0,03	307,45	-	-	2.190,77	1.428,03
Mediana	229,77	2,80	0,03	307,54	-	-	2.100,58	1.428,78
DP	11,78	0,10	0,00	6,21	-	-	416,27	76,98
IC 95%	205,98;252,66	2,59;3,02	0,03;0,04	295,08;319,72	-	-	1.684,27;3.075,22	1.287,45;1.587,04
Perímetro escrotal								
Média	2,26	0,04	0,03	7,17	-	-	14,93	5,05
Moda	2,24	0,04	0,03	7,18	-	-	14,89	5,03
Mediana	2,23	0,04	0,03	7,18	-	-	14,86	5,04
DP	0,30	0,02	0,01	0,23	-	-	3,80	0,41
IC 95%	1,73;2,91	-0,01;0,09	0,01;0,06	6,67;7,60	-	-	13,82;16,45	4,28;5,93

σ_a^2 = variância genética aditiva direta do intercepto; σ_{ab}^2 = covariância genética aditiva entre o intercepto e a inclinação; σ_b^2 = variância genética aditiva direta da inclinação; σ_e^2 = variância residual; σ_m^2 = variância do efeito aditivo materno; σ_{pm}^2 = variância do efeito de ambiente permanente da vaca; σ_p^2 = variância fenotípica; σ_{gc}^2 = variância devida ao efeito de grupo de contemporâneos.

Corrêa; Dionello e Cardoso (2009) e Cardoso et al. (2011) observaram incremento nas estimativas de herdabilidade para ganho de peso pós-desmama de bovinos Devon e Hereford respectivamente, à medida que o gradiente ambiental se tornou favorável. Komoldin et al. (2004), em estudo com bovinos leiteiros da raça Sueca Vermelha e Branca, observaram aumento da herdabilidade da produção de proteína e do período de serviço de acordo com o valor do gradiente ambiental. Pégolo et al. (2009) observaram maiores estimativas de herdabilidade direta para peso aos 450 dias de idade de bovinos Nelore em ambientes extremos, semelhantemente ao observado neste estudo para as características PD e PE (Figura 2).

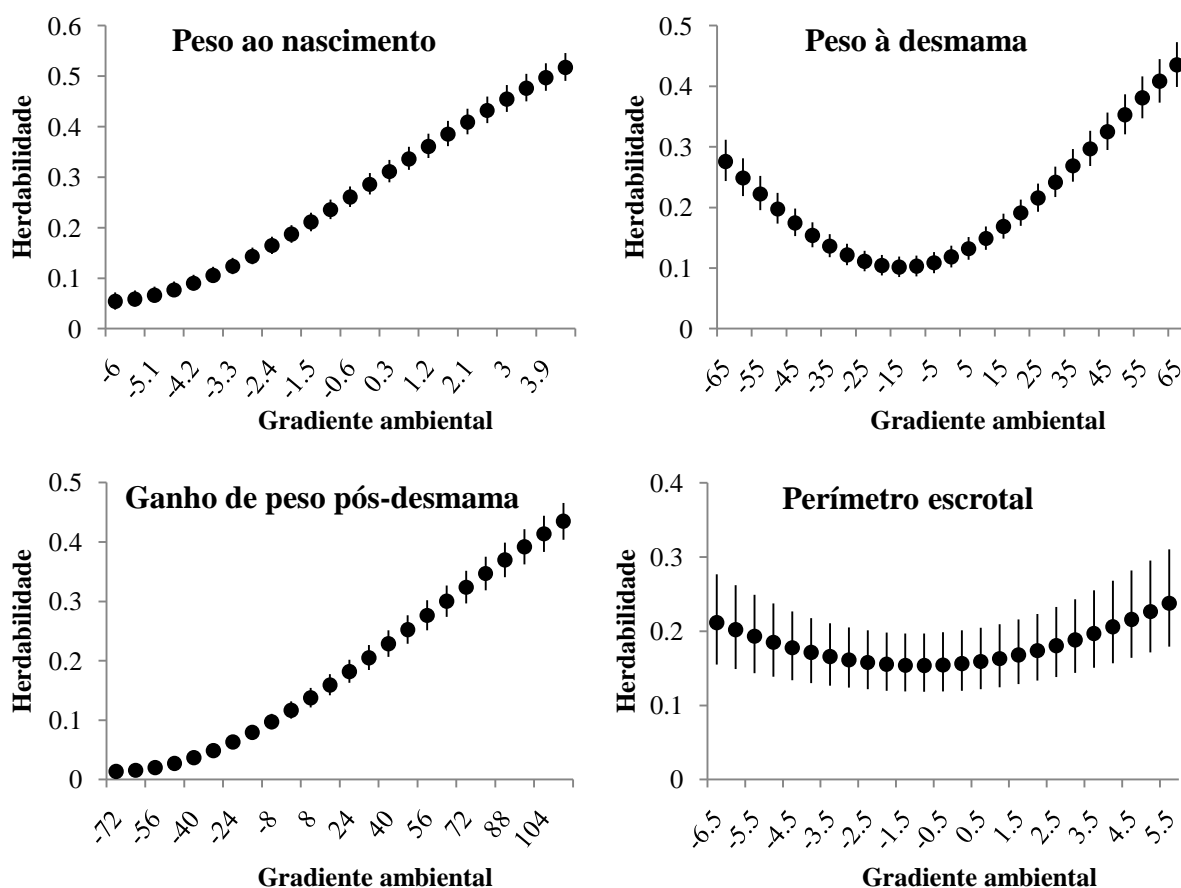


Figura 2. Herdabilidade direta média (pontos) e intervalo de credibilidade 95% (barras verticais) para as características estudadas de acordo com o gradiente ambiental.

Conforme Cardoso et al. (2011) os parâmetros genéticos podem mudar no gradiente ambiental, implicando maior proporção da variação fenotípica devida a fatores genéticos em

ambientes melhores. A herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente a que o animal é submetido, enquanto a variância ambiental é dependente das condições de produção e manejo – maior variação ambiental reduz a herdabilidade; mais uniformidade do ambiente leva ao aumento da herdabilidade (FALCONER; MACKAY, 1996). A variação observada nas estimativas de herdabilidade direta implica resposta à seleção diferenciada conforme o ambiente em que os animais desta população são avaliados.

Em termos gerais, as estimativas médias de herdabilidade obtidas foram semelhantes às relatadas para bovinos da raça Nelore criados em condições semelhantes de clima e manejo às do presente estudo (Figura 2 e Tabela 3). No presente estudo a média da herdabilidade direta para PN foi de $0,26 \pm 0,15$. Eler et al. (2000) reportaram estimativa de herdabilidade direta e materna para o PN de 0,25 e 0,03 respectivamente, em estudo com bovinos Nelore utilizando um modelo que considerava o efeito da interação touro-rebanho. Albuquerque e Meyer (2001), Dias et al. (2005) e Boligon et al. (2009) obtiveram estimativa de herdabilidade direta para o PN de bovinos Nelore de respectivamente 0,28, 0,25 e 0,26. Em ambiente favorável extremo, a estimativa média de herdabilidade direta para PN foi de 0,51 (0,49 a 0,54) (Figura 2), semelhante às reportadas para bovinos criados em condições climáticas temperadas. Eriksson et al. (2004) obtiveram estimativa de herdabilidade direta de 0,44 a 0,51 e materna de 0,06 a 0,15 para PN de bovinos Hereford e Charolês suecos. Já Dodenhoff et al. (1998) reportaram estimativa de 0,38 a 0,47 para herdabilidade direta do PN de bovinos Hereford sob diferentes modelos. Tosh; Kemp e Ward (1999) relataram estimativa de herdabilidade direta e materna para o PN de uma população multirracial do Canadá de 0,51 e 0,09, respectivamente. A estimativa relatada para PN sugere que esta característica pode responder satisfatoriamente à seleção massal, especialmente quando as condições de manejo são melhores.

Tabela 3. Herdabilidade materna (h_m^2), fração da variância fenotípica devida ao efeito permanente materno (c^2) e correlação entre o intercepto e a inclinação da norma de reação (r_{ab}) para as características estudadas.

Peso ao nascimento			
	h_m^2	c^2	r_{ab}
Média	0,02	-	0,93
Moda	0,02	-	0,88
Mediana	0,02	-	0,93
Desvio-padrão	0,00	-	0,01
IC 95%	0,01;0,03	-	0,90;0,95
Peso à desmama			
Média	0,05	0,07	0,40
Moda	0,05	0,07	0,37
Mediana	0,05	0,07	0,40
Desvio-padrão	0,08	0,00	0,03
IC 95%	0,03;0,06	0,05;0,08	0,33;0,46
Ganho de peso pós-desmama			
Média	-	-	0,94
Moda	-	-	0,94
Mediana	-	-	0,94
Desvio-padrão	-	-	0,00
IC 95%	-	-	0,92;0,96
Perímetro escrotal			
Média	-	-	0,14
Moda	-	-	0,05
Mediana	-	-	0,14
Desvio-padrão	-	-	0,09
IC 95%	-	-	-0,04;0,31

IC = intervalo de credibilidade

A média da estimativa de herdabilidade direta para PD foi $0,21 \pm 0,09$, estando de acordo com as estimativas relatadas na literatura. Albuquerque e Meyer (2001) reportaram herdabilidade direta para o PD de bovinos Nelore de 0,14 a 0,16 e herdabilidade materna de 0,07 a 0,08. Burrow (2001) obtiveram valores de 0,17 e 0,34 para herdabilidade direta e materna para PD de uma população de bovinos compostos. Boligon et al. (2010), em estudo com animais Nelore, relataram estimativas de 0,33 e 0,08 para herdabilidade direta e materna respectivamente. Tosh; Kemp e Ward (1999) relataram resultado semelhante para uma população multirracial de bovinos de corte (0,33 e 0,13). Como também observado para PN, em ambiente mais favorável, o

fenótipo para PD representa melhor o potencial genético dos indivíduos desta população, sendo a herdabilidade direta máxima média desta característica no gradiente ambiental de 0,43 (0,39 a 0,47) (Figura 2).

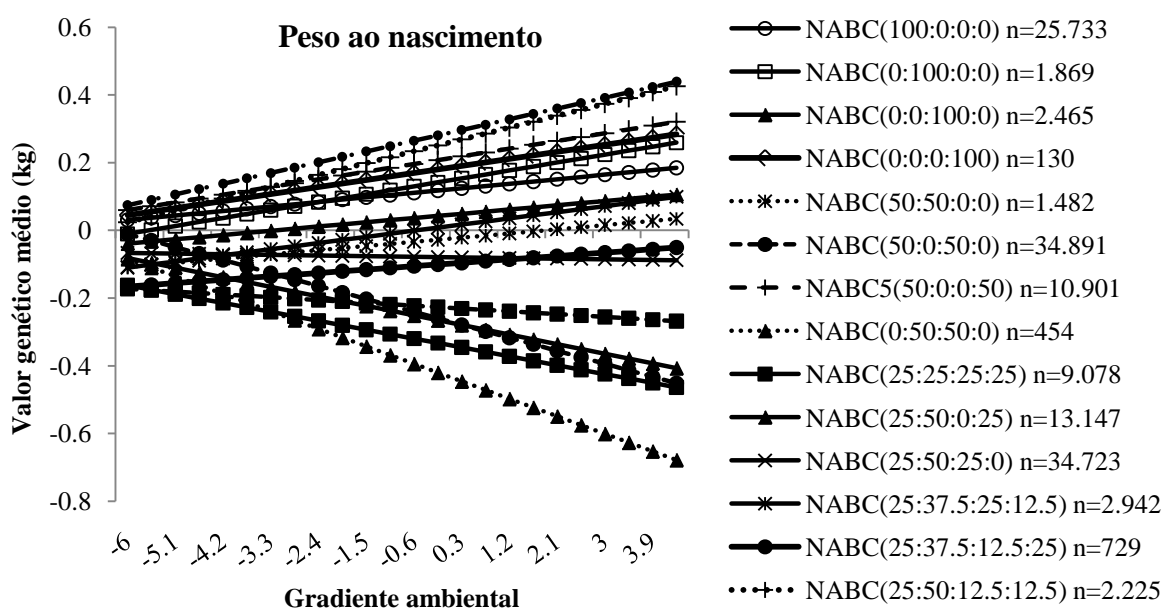
O GP apresentou importante componente genético, com média de herdabilidade direta de 0,01 no pior ambiente e 0,43 no ambiente mais favorável. Conforme DeNise et al. (1988) e Toral et al. (2004), em ambientes distintos a característica pode ser influenciada por conjuntos de genes diferentes, e estes genes podem se expressar com intensidades diferentes, conforme o grau de semelhança ou diferença dentro ou entre ambientes. As estimativas de herdabilidade para GP obtidas no presente estudo foram próximas às relatadas na literatura. Marcondes et al. (2000) obtiveram estimativa de 0,18 para a raça Nelore (Brasil). Já Gregory; Cundiff e Koch (1995) e Bennett e Gregory (1996) obtiveram estimativas de herdabilidade para ganho de peso pós-desmama de bovinos compostos (Clay Center nos Estados Unidos da América) entre 0,48 e 0,59. Cardoso; Cardellino e Campos (2004) relataram estimativa de 0,20 para animais da raça Angus do Brasil. A estimativa de herdabilidade obtida indica que a seleção praticada nesta característica pode conduzir a ganhos genéticos favoráveis.

Para PE a herdabilidade média variou de 0,21 a 0,23 no gradiente ambiental, valores inferiores ao relatado por Vargas et al. (1998), Eler et al. (2004) e Boligon et al. (2010) que obtiveram estimativas entre 0,28 e 0,57, porém todas referentes a animais de raça pura. Burrow (2001) relatou estimativa de 0,37 para PE mensurado ao sobreano em uma raça composta de bovino de corte tropical. Pode ser observado na Figura 2 que, tanto em ambiente desfavorável, quanto favorável, esta característica pode responder satisfatoriamente à seleção, desta forma, esta constatação pode ser considerada uma oportunidade para os programas de seleção que visam progresso genético desta característica em ambientes extremos.

A correlação entre o nível e a inclinação da norma de reação para cada uma das características estudadas é apresentada na Tabela 3. Para PN e GP a correlação foi alta magnitude, indicando que os animais de maior valor genético médio foram os que apresentaram maior resposta à melhoria das condições ambientais, caracterizando o efeito de escala na GxE. Correlação alta foi observada por Cardoso et al. (2011) e Corrêa; Dionello e Cardoso (2009) para ganho de peso pós-desmama de bovinos Hereford e Devon respectivamente e também por Calus; Groen e De Jong (2002) para Friesian. Conforme Namkoong (1985), se os efeitos de escala são diferentes para características que são combinadas em um índice econômico, a importância

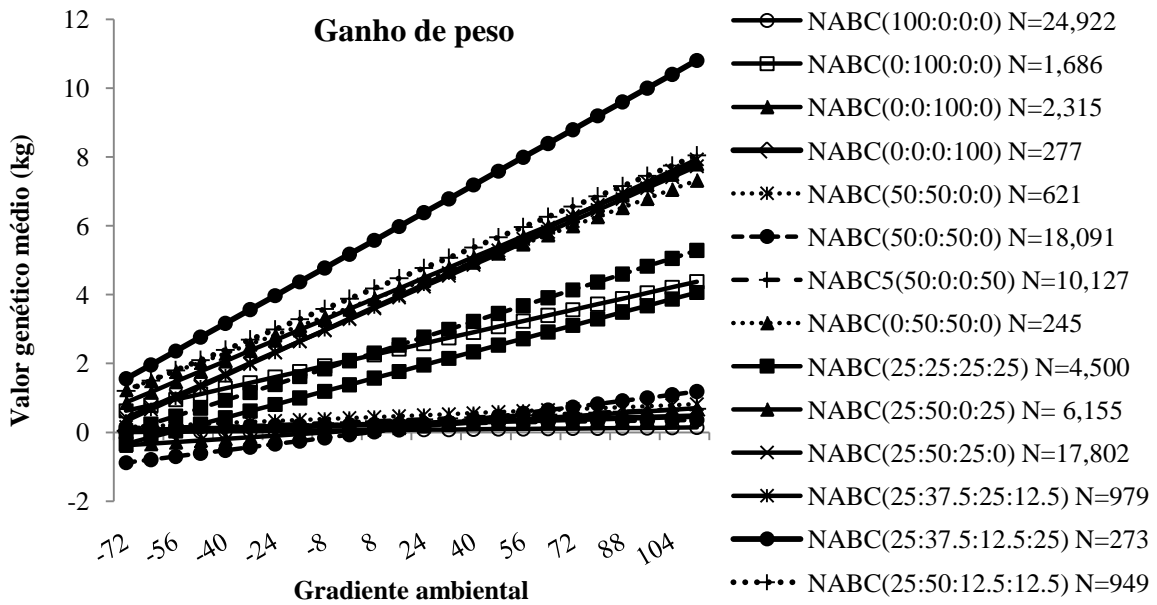
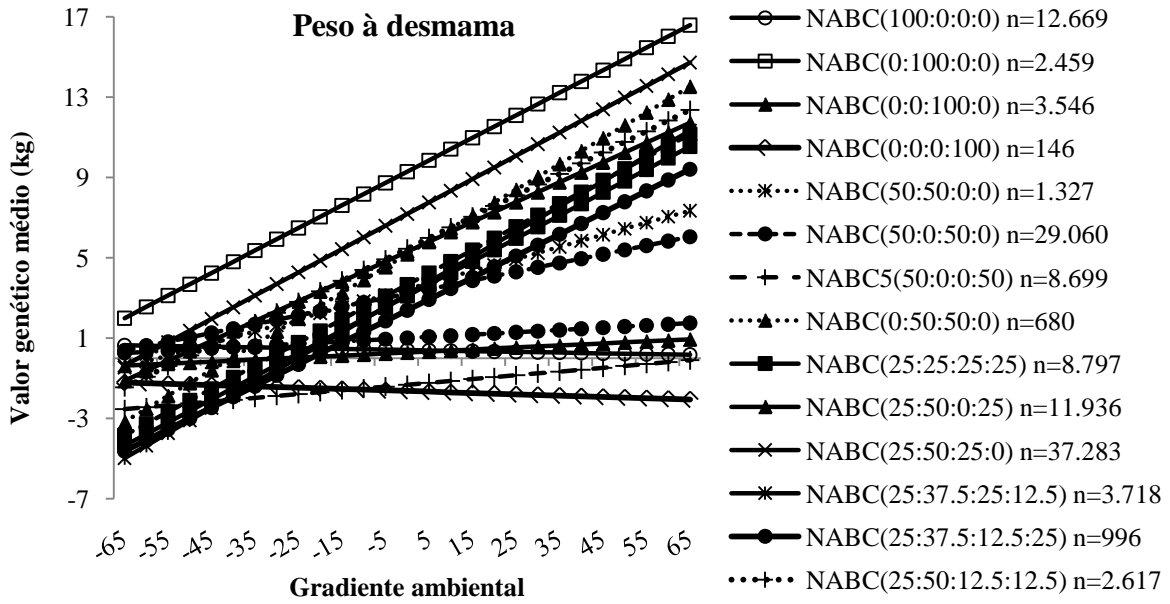
relativa entre as características pode mudar e causar reclassificação dos animais com base neste índice.

Para PD e PE, a correlação entre intercepto e inclinação foi baixa, o que segundo Su et al. (2006) implica reclassificação dos animais em ambientes diferentes, ou seja, o melhor animal em um ambiente não é necessariamente o melhor em outro ambiente. O efeito de escala e de reclassificação dos animais é ilustrado na Figura 3 para as principais composições raciais desta população.



Continua

Continuação



Continua

Continuação

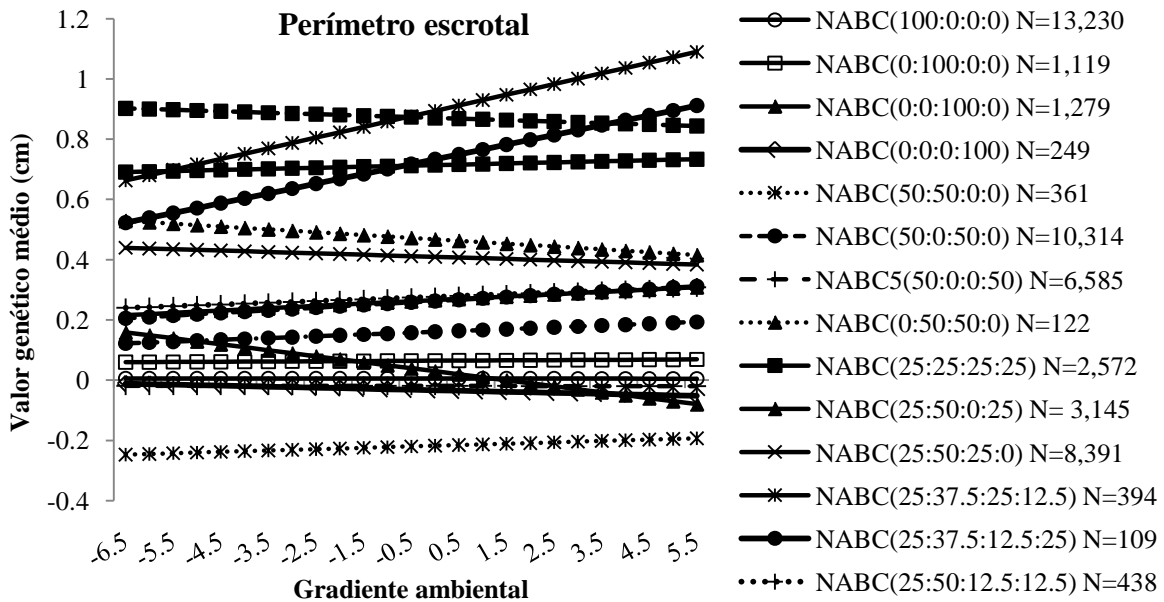
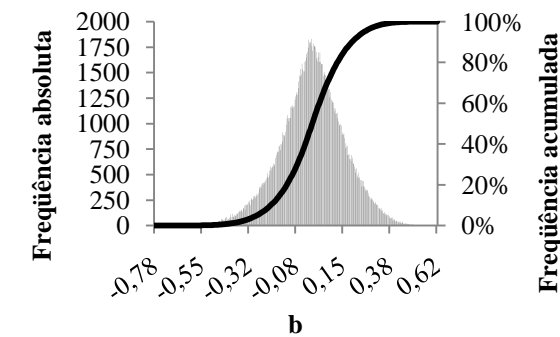
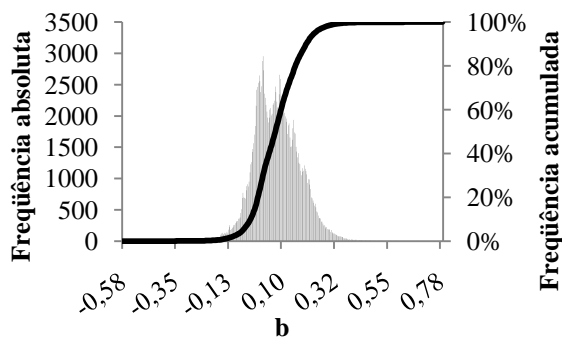


Figura 3. Normas de reação médias para as características estudadas das principais composições raciais no gradiente ambiental. As composições raciais são dadas como porcentagem de cada tipo biológico.

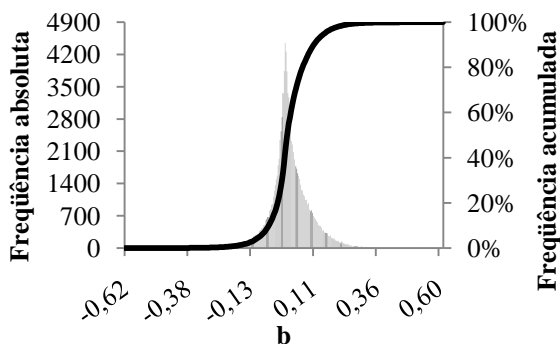
Conforme Falconer (1990), a variação da inclinação da norma de reação está diretamente relacionada com a importância da GxE e reflete a sensibilidade ambiental. Foi observada variação genética para a sensibilidade dos animais para as características estudadas (Tabela 2). A maior parte dos animais apresentou sensibilidade intermediária para as características estudadas, assim esperam-se respostas moderadas às variações nas condições ambientais (Figura 4). Maior dispersão relativa da sensibilidade dos animais foi observada para PN e PE. Para essas características existe maior proporção de animais plásticos (com inclinação da norma de reação longe de zero). Desta forma a seleção para maior plasticidade pode ser mais efetiva para PN e PE do que para as demais características estudadas.



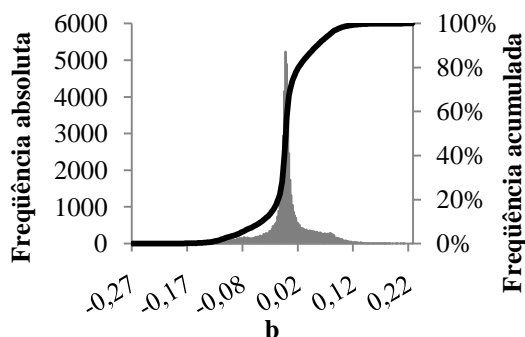
Peso ao nascimento			
n	182.636	Intervalo 95%	-0,336;0,307
Média	-0,003	Amplitude	1,403
Moda	-0,033	Desvio-padrão	0,158
Mediana	-0,001	CV	-4.442,033
Mínimo	-0,784	Curtose	0,371
Máximo	0,619	Assimetria	-0,166



Peso à desmama			
n	174.259	Intervalo 95%	-0,1003;0,2750
Média	0,076	Amplitude	1,366
Moda	0,020	Desvio-padrão	0,096
Mediana	0,071	CV	126,19
Mínimo	-0,580	Curtose	0,655
Máximo	0,785	Assimetria	0,242



Ganho de peso da desmama ao sobreano			
n	105.408	Intervalo 95%	-0,137;0,192
Média	0,017	Amplitude	1,237
Moda	-0,010	Desvio-padrão	0,078
Mediana	0,008	CV	448,23
Mínimo	-0,622	Curtose	3,617
Máximo	0,615	Assimetria	0,287



Perímetro escrotal			
n	59.423	Intervalo 95%	-0,107;0,093
Média	0,002	Amplitude	0,500
Moda	-0,000	Desvio-padrão	0,042
Mediana	0,000	CV	1.836,888
Mínimo	-0,273	Curtose	2,685
Máximo	0,227	Assimetria	-0,329

Figura 4. Distribuição da inclinação da norma de reação (b) de bovinos compostos para as características estudadas e respectivas estatísticas descritivas.

Conforme Strandberg et al. (2000), para a maioria dos sistemas de produção pode ser preferível selecionar animais de alto nível e baixa inclinação da norma de reação, ou seja, animais mais robustos que apresentam bom desempenho sob diferentes condições ambientais. Segundo os mesmos autores, encontrar tais animais pode ser uma tarefa muito difícil. Na realidade, por mais robusto que possa ser um genótipo, dificilmente este conseguirá produzir fenótipo superior sob qualquer condição. Animais plásticos podem ser capazes de fazer as alterações genéticas necessárias de acordo com o ambiente no qual estejam inseridos. Em termos adaptativos, genótipos mais plásticos podem melhor se adaptar a drásticas mudanças ambientais, enquanto genótipos robustos poderiam nem sequer sobreviver sob determinadas condições. Interessante revisão sobre plasticidade fenotípica pode ser encontrada em Stearns (1989).

As correlações de Spearman entre valores genéticos esperados para ambientes baixo, médio ou alto e demais ambientes, demonstram que ocorre reclassificação de animais, em maior ou menor grau, conforme o ambiente em que são avaliados (Figura 5). Em geral, para PN e PE a correlação entre ambientes foi mais alta, em contraste ao observado para PD e GP. Para PN a correlação entre ambientes opostos foi acima de 0,60, já para PE acima de 0,70. A correlação entre valores genéticos chega a ser negativa entre ambientes opostos para o PD, já para GP, fica acima de 0,4. Correlações fortemente negativas a positivas foram relatadas por Strandberg et al. (2000, 2009) para características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros Nórdicos e da raça Holandesa. O mesmo foi também reportado por Pollott e Greeff (2004) para contagem de ovos fecais e seis características produtivas de ovinos Merino. Segundo Corrêa; Dionello e Cardoso (2009) essas estimativas de correlação indicam que a genética necessária para produção em ambientes adversos não é a mesma para a produção em ambientes intermediários e bons. Com base nesses resultados, existem grandes implicações para as avaliações genéticas e decisões de seleção na população estudada. Por exemplo, a correlação entre ambientes médios e altos foi acima de 0,8 para todas as características. Em termos gerais, os melhores animais em ambiente médio também são os melhores em ambientes altos. Entretanto essa situação muda quando observamos a correlação entre o ambiente médio e baixo, a qual atinge valores abaixo de 0,4 dependendo da característica.

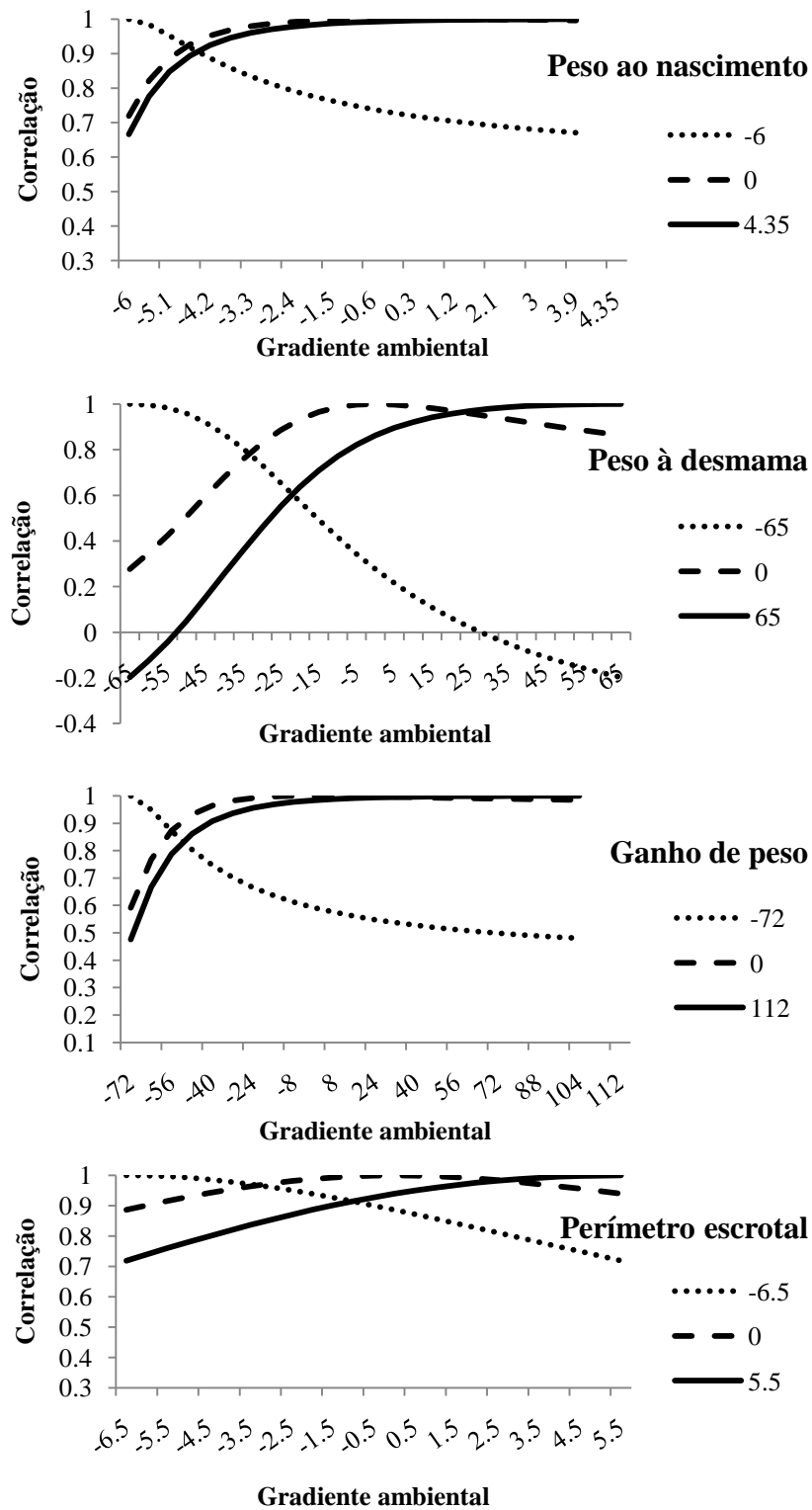


Figura 5. Correlação de Spearman entre valores genéticos esperados para as características estudadas. As linhas nos gráficos representam a correlação entre um ambiente (baixo, médio ou alto) e todos os demais ambientes.

5. CONCLUSÕES

Foi constatada GxE pelo modelo hierárquico de normas de reação para todas as características estudadas. O modelo utilizado permitiu identificar o tipo e grau da GxE. Existe variação genética com respeito à sensibilidade dos animais, o que possibilita a seleção de genótipos mais plásticos ou robustos.

5. REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, L. G.; MEYER, K.. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 d of age in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.79, p.2776-2789, 2001.

BENNETT, G.L.; GREGORY, K.E. Genetic (co)variances among birth weight, 200-day weight, and postweaning gain in composites and parental breeds of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.74, p.2598-2611. 1996.

BOLIGON, A.A. et al. Heritability and correlations between weights from birth to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, p.2320-2326, 2009.

BOLIGON, A.A., et al. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.88, p.1215-1219, 2010.

BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in genetics**, New York, v.13, 115–155, 1965.

BURROW, H.M. Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, Shannon, v.70, p.213-233, 2001.

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

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. (Co) variance components and genetic parameters of post-weaning traits in Angus cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, p.313-319, 2004.

CARDOSO, F.F., 2010. **Application of Bayesian inference in animal breeding using the Intergen program manual of version 1.2.** Documentos, 112, Embrapa Pecuária Sul, Bagé-RS.

CARDOSO, L.L. et al. Hierarchical Bayesian models for genotype \times environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.294-300, 2011.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Genotype by environment interaction characterization and model comparison for post weaning gain adjustment of Devon cattle via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.38, p.1468-1477, 2009.

DENISE, S.K. et al. Genetic parameter estimates for preweaning traits of beef cattle in a stressful environment. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.66, p.1899-1906, 1988.

DIAS, L.T. et al. Estimation of genetic parameters for weight in different ages in Tabapuã cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, p.1914-1919, 2005.

DODENHOFF, J. et al. Parameter estimates for direct, maternal, and grandmaternal genetic effects for birth weight and weaning weight in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2521-2527, 1998.

ELER, J.P. et al. Influence of sire \times herd interaction on the estimation of correlation between direct and maternal genetic effects in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, p.1642-1648, 2000.

ELER, J.P. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.82, 2519–2527, 2004.

ERIKSSON, S. Genetic parameters for calving difficulty, stillbirth, and birth weight for Hereford and Charolais at first and later parities. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.82, p.375-383, 2004.

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 Ltd., 1996.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v.23, n.2, p.115-117, 1999.

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

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.73, p.1920-1926, 1995.

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

KOLMODIN, R. et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy studied by use of reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v.52, p.11-24, 2002.

KOLMODIN, R. et al. Reaction norms for protein yield and days open in Swedish red and white dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v.54, 139-151, 2004.

MARCONDES, C.R. et al. 2000. Analysis of some selection criteria for growth traits in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.52, p.83-89, 2000.

NAMKOONG, G. et al. The influence of composite traits on genotype by environment relations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.70, p.315-317, 1985.

PÉGOLO, N.T. et al. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.32, p.281-287, 2009.

POLLOTT, G.E.; GREEFF, J.C. Genotype x environment interactions and genetic parameters for fecal egg count and production traits of Merino sheep. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.82, 2840–2851, 2004.

SAS User's Guide: **Statistics**. Versão 9.2 Edition. 2008. SAS Inst., Inc., Cary, NC.

STEARNS, S.C. The evolutionary significance of phenotypic plasticity. **BioScience**, v.39, p.436-445, 1989.

STRANDBERG, E. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied by use of reaction norms, 2000, Slovenia. In: **Proceedings Interbull meeting**, Bled Slovenia: p.41-45.

STRANDBERG, E. et al. Genotype by environment interaction for first-lactation female fertility traits in UK dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.92, p.3437-3446, 2009.

SU, G.. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.84, p.1651-1657, 2006.

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

TOSH, J.J.; KEMP, R.A.; WARD, D.R. Estimates of direct and maternal genetic parameters for weight traits and backfat thickness in a multibreed population of beef cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, Champaign, v.79, 433-439, 1999.

VARGAS, C.A. et al. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers, and hip height in Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2536-254, 1998.

VIA, S.; LANDE, R. Genotype-environment interaction and the evolution of phenotypic plasticity. **Evolution**, v.39, p.505-52, 1985.