

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E EVOLUÇÃO

ESTUDO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E PERÍMETRO
ESCROTAL À DESMAMA NA RAÇA CANCHIM

Fábio Menezes de Carvalho

SÃO CARLOS – SP
2007

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E EVOLUÇÃO

ESTUDO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E PERÍMETRO
ESCROTAL À DESMAMA NA RAÇA CANCHIM

Fábio Menezes de Carvalho

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução do Centro de Ciências Biológicas e da Saúde da Universidade Federal de São Carlos, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Genética e Evolução.

SÃO CARLOS – SP
2007

**Ficha catalográfica elaborada pelo DePT da
Biblioteca Comunitária da UFSCar**

C331ei

Carvalho, Fábio Menezes de.

Estudo de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama na raça Canchim / Fábio Menezes de Carvalho. -- São Carlos : UFSCar, 2007. 43 f.

Dissertação (Mestrado) -- Universidade Federal de São Carlos, 2007.

1. Genética quantitativa. 2. Bovino de corte. 3. Parâmetros genéticos. 4. Seleção. 5. Animais – melhoramento genético. I. Título.

CDD: 575.1 (20^a)

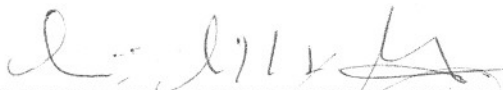
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E EVOLUÇÃO

**“ESTUDO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E
PERÍMETRO ESCROTAL À DESMAMA NA RAÇA CANCHIM”.**

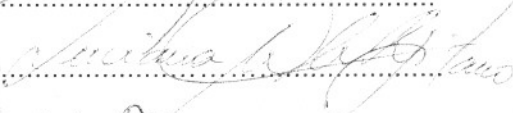
Dissertação de Mestrado de Fábio Menezes de Carvalho

Banca Examinadora

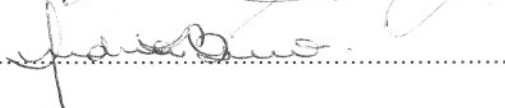
Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar.....



Profa. Dra. Luciana Correia de Almeida Regitano.....



Profa. Dra. Andrea Roberto Bueno Ribeiro.....



Orientador: Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar

Co-orientador: Dr. Luiz Otávio Campos da Silva

Dedico este trabalho a minha mãe Maria Aparecida,
Meu pai Pedro Menezes (*in memoriam*)
E aos meus irmãos, André e Pedro.

“Feliz aquele que transfere o que sabe e
aprende o que ensina!”
(Cora Coralina)

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por tudo.

A minha família pelo amor, respeito e apoio incondicional.

A Larissa, pelo amor, carinho e amizade.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar, pela ajuda dispensada, pelos inúmeros ensinamentos que vão muito além dos livros, pela oportunidade de fazer mestrado e pela amizade.

Ao meu co-orientador, Dr. Luiz Otávio Campos da Silva, pela ajuda dispensada e pelo auxílio com o banco de dados.

A Associação brasileira de criadores de Canchim (ABCBCAN) e a Embrapa - Geneplus por disponibilizarem o banco de dados utilizado neste trabalho.

Aos professores do PPG-GEv, pelos ensinamentos, apoio e incentivos constantes. Agradeço também pela atenção e respeito.

Aos meus amigos e amigas, pela troca de experiências, pelas conversas de fogueira e pelas risadas, em todos os momentos.

Ao Bloco 22 onde fiz amigos de verdade como: Paulinho Sicuri, Eliezer, Marcão Canalha, Nivaldo, Mauri, Honasses e Princesa...

Ao Zex, pelas viagens, cavernas, escaladas, trocas de experiências e grande amizade, e também pelo apoio com o Fortran.

Um agradecimento especial ao Honasses, pelo empréstimo do *lap top* no momento mais importante.

Ao Prof. Mauro Pacífico, pelos valiosos ensinamentos, pelo Jiu-Jitsu, churrascos, conversas, pescarias e grande amizade.

Aos funcionários da EMBRAPA pelo apoio ao meu trabalho e pelas amizades.

Aos meus companheiros de pós-graduação pela amizade, risadas e “troca de figurinhas...”, em específico ao Gaúcho pelas cachaças e discussões sobre Genética e Evolução, e ao Wellington pela amizade e pelo Curixão.

Agradeço diretamente a Ana Mary, a Talita, a Fabiana e ao Fernando pela ajuda nesse trabalho.

A Regiane e Greisse do PPG-GEV, pela paciência, apoio e companheirismo.

Agradeço, especialmente, aos membros da banca de qualificação e da defesa pelas valiosas contribuições a este trabalho e pelo apoio acadêmico em diversas ocasiões.

Ao Waldomiro, pelos valiosos ensinamentos com o SAS e estatística. Pelas conversas, amizade e sinceridade.

A Dra. Luciana, pelos ensinamentos em genética, recebidos não só nas aulas, mas também no corredor do café, pelo apoio na qualificação e defesa, pelos incentivos e amizade.

Ao CNPq, pelo apoio financeiro concedido em forma de bolsa de mestrado.

ESTUDO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E PERÍMETRO ESCROTAL À DESMAMA NA RAÇA CANCHIM

RESUMO

Nos programas de avaliação genética de bovinos de corte, a existência de interação genótipo x ambiente é de especial interesse quando o mérito dos animais depende do ambiente no qual são avaliados, ou seja, quando um genótipo apresenta superioridade em determinado ambiente e não apresenta a mesma superioridade em outros ambientes. O objetivo neste trabalho foi avaliar a existência de interação genótipo x ambiente para peso (PD) e perímetro escrotal (PE) à desmama em bovinos da raça Canchim pertencentes a rebanhos das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Para tanto, os rebanhos foram agrupados segundo dois critérios: (1) por região política, considerando animais nascidos e criados nas regiões Sudeste ou Centro-Oeste do Brasil; (2) por regiões homogêneas de produção, considerando apenas animais nascidos dentro do estado de São Paulo. Foram utilizados dados de 29.367 PD e 8.800 PE, pelo critério 1, e de 15.041 PD, pelo critério 2. Em ambos os casos, foram utilizadas duas metodologias para avaliar a existência de interação genótipo x ambiente. Na metodologia 1, foram estimadas as correlações genéticas entre a mesma característica em ambientes diferentes, em análises bicaráter (critério 1) e tricaráter (critério 2), considerando a característica em cada região como sendo uma característica diferente, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, com modelo estatístico que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (criador - proprietário - ano e época de nascimento - sexo - grupo genético da mãe - regime alimentar) e da covariável idade da vaca (efeitos linear e quadrático) e idade do bezerro (efeito linear; apenas para PE), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual. Foram também calculadas as correlações de Spearman para os valores

genéticos dos touros nas várias regiões. Na metodologia 2, foram feitas análises unicaráter utilizando-se dois modelos idênticos ao anterior, mas um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro-região, para ambos os critérios, e a diferença entre os dois modelos foi verificada pelo teste de razão de verossimilhança. No critério 1, as correlações genéticas entre PD e PE nas regiões Sudeste e Centro-Oeste foram iguais a 0,78 e 0,97, respectivamente. No critério 2, as correlações genéticas entre PD nas regiões Oeste de São Paulo-Paraná e Araraquara, Oeste de São Paulo-Paraná e Leiteira, e Araraquara e Leiteira, foram iguais a 0,87; 0,69 e 0,76, respectivamente. Houve mudança na classificação dos touros quanto a seus valores genéticos de uma região para outra e os modelos com e sem o efeito de touro - região foram diferentes, para todas as características. Estes resultados sugerem a existência de interação genótipo x ambiente para as características nas populações estudadas.

Palavras-chave: bovinos de corte, desmama, parâmetros genéticos, seleção

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION FOR WEIGHT AND SCROTAL CIRCUMFERENCE AT WEANING IN CANCHIM CATTLE

ABSTRACT

In beef cattle genetic evaluation programs, the existence of genotype x environment interaction is of special interest when merit of the animals depends on the environment they are evaluated, that is, when a genotype is superior in one environment but not in others. The objective in this study was to evaluate the existence of genotype x environment interaction for weight (WW) and scrotal circumference (SC) at weaning in Canchim cattle, using data belonging to herds from Southeast and Mid West regions of Brazil. Herds were grouped according to two criteria: (1) by geographical region, considering animals born in Southeast and Mid West regions of Brazil; (2) by homogeneous production regions, considering only animals born in the State of São Paulo. Data on 29,367 WW and 8,800 SC were used for analyses in criterion 1, and 15,041 WW for analyses in criterion 2. The region in which the calf was born and raised was considered as the environment, and two methods were used to evaluate the interaction by both criteria. In method 1, genetic correlation between the same trait among the environments, in two (criterion 1) and three-trait (criterion 2) analyses, was estimated, considering the trait in each region as a different trait, using the derivative free restricted maximum likelihood method, with a statistical model which included the fixed effects of contemporary group (breeder-owner-year and season of birth-sex-genetic group of dam-feeding regime) and the covariates age of dam (linear and quadratic effects) and age of calf (linear effect; only for SC), and the additive direct and maternal, permanent environmental and residual random effects. Spearman rank correlations for breeding values of bulls in different regions were also calculated. In method 2, for both criteria, one-trait analyses using two similar models were done, but one with and the other without the

uncorrelated sire-region random effect, and the difference between them was tested by the likelihood ratio test. In criterion 1, the genetic correlations between WW and SC in Southeast and Mid West regions were equal to 0.78 and 0.97, respectively, while in criterion 2, the genetic correlations between WW in West of São Paulo - Paraná and Araraquara regions, West of São Paulo - Paraná and Leiteira regions, and Araraquara and Leiteira regions were 0.87, 0.69 and 0.76, respectively. The rank of bulls according to their breeding values changed from one region to the others, and the models with and without sire-region effect were different, for all traits. These results suggest the existence of genotype x environment interaction for the traits in the studied population.

Key Words: beef cattle, weaning traits, genetic parameters, selection

SUMÁRIO

| | |
|---|----|
| CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES INICIAIS | 1 |
| 1.1 INTRODUÇÃO..... | 1 |
| 1.1.2 Pecuária de Corte..... | 1 |
| 1.1.2 Seleção..... | 1 |
| 1.1.3 Interação Genótipo x Ambiente..... | 3 |
| 1.1.4 A Raça Canchim..... | 4 |
| 1.2 HIPÓTESE | 5 |
| 1.3 OBJETIVO | 5 |
| 1.4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 5 |
| | |
| CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E PERÍMETRO ESCROTAL À DESMAMA DE BOVINOS NA RAÇA CANCHIM CRIADOS NAS REGIÕES SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL | 7 |
| | |
| RESUMO..... | 7 |
| ABSTRACT | 9 |
| INTRODUÇÃO..... | 10 |
| MATERIAL E MÉTODOS..... | 11 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 13 |
| CONCLUSÕES | 21 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 21 |
| | |
| CAPÍTULO 3 - INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO À DESMAMA DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM EM TRÊS REGIÕES HOMOGÊNEAS DO ESTADO DE SÃO PAULO..... | 23 |
| | |
| RESUMO..... | 23 |
| ABSTRACT | 25 |
| INTRODUÇÃO..... | 26 |
| MATERIAL E MÉTODOS..... | 27 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 32 |
| CONCLUSÕES | 39 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 39 |
| | |
| CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS | 42 |

CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES INICIAIS

1.1 INTRODUÇÃO

1.1.2 Pecuária de Corte

No cenário mundial, o Brasil apresenta o maior rebanho comercial de gado bovino (170 milhões de animais), é o segundo maior produtor de carne bovina (8,4 milhões de toneladas de equivalente-carcaça) e o segundo em número de abates (46,9 milhões de animais) (ANUALPEC, 2006; estimativas para 2005). Em 2006, o Brasil exportou carne para aproximadamente 180 países e o produto interno bruto (PIB) referente à pecuária foi de 64,87 bilhões de reais, equivalente a 3,3% do PIB total do país (CEPEA - ESALQ, 2006).

A produção de bovinos de corte no Brasil tem se modernizado nas últimas décadas, resultando em aumentos na produtividade dos sistemas de produção e na melhoria da qualidade do produto e, certamente, essas conquistas são consequência tanto dos avanços científicos e tecnológicos ocorridos em áreas ligadas ao manejo animal (nutrição, reprodução e sanidade) quanto do constante melhoramento genético animal realizado (ALENCAR, 2004).

O melhoramento genético animal consiste na mudança da composição genética das populações, com base em duas estratégias fundamentais, que exploram a variabilidade biológica dos animais dentro das espécies. Com essas duas estratégias, a seleção e os sistemas de acasalamento, procura-se utilizar as diferenças genéticas existentes entre indivíduos dentro de uma raça e entre raças dentro de uma espécie, organizando acasalamentos visando à obtenção de melhor combinação aditiva e não-aditiva nos animais do sistema.

1.1.2 Seleção

Entre as estratégias do melhoramento genético, a seleção para as características de interesse ou características ligadas a elas, dentro das raças existentes, é usada na bovinocultura de corte. Esse processo permite adequar genótipos a diferentes ambientes

(clima, manejo, relevo, etc.) e também às necessidades dos produtores e dos consumidores, de acordo com o objetivo de seleção.

Seleção nada mais é do que a escolha dos pais que produzirão a próxima geração e a determinação do número de filhos que cada pai deixará. Essa alternativa depende, primeiramente, da definição do objetivo de seleção, que é a combinação de características importantes economicamente dentro de um sistema de produção, ou seja, o fim, ou aquilo que se deseja atingir (ALENCAR, 2002). Na definição do objetivo de seleção levam-se em conta problemas de natureza econômica, procurando-se melhorar aquilo que afeta o desempenho econômico do sistema.

Após definidos os objetivos de seleção, definem-se os critérios de seleção, que são as características com base nas quais os animais são escolhidos. O critério de seleção é o meio utilizado para se atingir os objetivos de seleção.

Os critérios de seleção podem ter dois tipos de características: características indicadoras, que são aquelas que servem para indicar o mérito dos animais em outras características; e características de relevância econômica, que são aquelas que afetam diretamente a rentabilidade, ou seja, aquelas que se deseja melhorar. Essas últimas podem também ser objetivos de seleção.

A escolha da característica critério de seleção, portanto, vai depender da sua importância econômica ou da sua relação com a característica de relevância econômica. Além disso, vai depender das variações genética e fenotípica nela existentes. Normalmente, características de herdabilidade e de variação fenotípica altas apresentam maior resposta à seleção, ou seja, o esforço para se obter determinado ganho é menor do que quando as características apresentam herdabilidade e variação fenotípica baixas.

Nas duas últimas décadas, vários programas de avaliação genética foram implementados no Brasil, para várias raças bovinas de corte. Esses programas, geralmente, estimam DEPs (Diferença Esperada na Progenie), direta e/ou materna, para características de crescimento, reprodutivas e morfológicas. Os criadores, de posse dessas informações, promovem a seleção nos seus rebanhos.

1.1.3 Interação Genótipo x Ambiente

A interação genótipo x ambiente existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados (MASCIOLO, 2000). Apenas as mudanças fenotípicas que podem ocorrer em um mesmo genótipo em ambientes diferentes não caracterizam interação genótipo x ambiente. Há interação quando a diferença entre dois ou mais genótipos em um dado ambiente não permanece constante (ESPASANDIN, 2005), logo, são necessários, no mínimo, dois genótipos e dois ambientes para avaliar a presença de interação genótipo x ambiente.

Na Figura 1 são apresentados gráficos (A, B e C) típicos que são usados para descrever interação genótipo x ambiente.

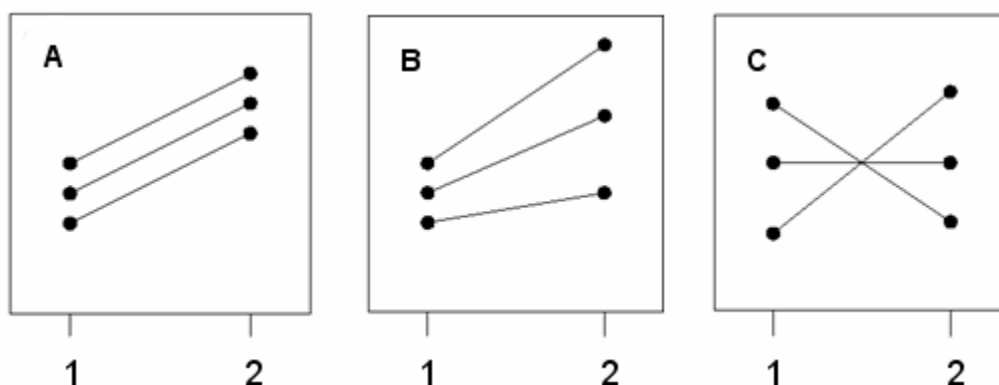


Figura 1 - Esquema de interação genótipo x ambiente, em que 1 e 2 são ambientes diferentes.
Fonte: LEONARDI (2000 – Modificado) www.dsa.unipr.it

Na Figura 1A não existe interação genótipo x ambiente. Na Figura 1B existe interação, mas não ocorre mudança de posto entre os genótipos. Na Figura 1C existe interação e mudança de posto entre os genótipos.

A existência de interação genótipo x ambiente é de especial interesse quando um genótipo apresenta superioridade em determinado ambiente e não apresenta a mesma superioridade em outros ambientes (FALCONER & MACKAY, 1996), como observado na Figura 1C. Nesse contexto, a escolha de um reprodutor não deve considerar apenas seu mérito genético, mas também o ambiente em que seus filhos serão criados. Se o mérito genético for alterado de acordo com o ambiente a classificação dos reprodutores também mudará e, conseqüentemente, a seleção pode ser incorreta.

A interação genótipo x ambiente também pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, podendo causar mudanças nas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de um ambiente para outro, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção (ALENCAR et al., 2005).

Dessa forma, a identificação de interação genótipo x ambiente deve contribuir para o aumento da eficiência de seleção em bovinos, fornecendo subsídios aos programas de avaliação genética das raças, procurando tornar os programas de seleção cada vez mais efetivos.

1.1.4 A Raça Canchim

Desenvolvida no Brasil a partir de cruzamentos entre a raça Charolesa e raças zebuínas, a raça Canchim (5/8 Charolês + 3/8 Zebu) apresenta características de precocidade e rendimento do gado europeu e de adaptação e rusticidade dos zebuínos e atualmente é criada em quase todo o território nacional. A avaliação genética da raça Canchim em nível nacional é feita em parceria entre a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Canchim

(ABCCAN) e a Embrapa-Genepplus, desde 1999. Essa avaliação genética é feita para várias características, como pesos ao nascimento, à desmama e ao sobreano, perímetro escrotal e conformação frigorífica à desmama e ao sobreano, peso da vaca à desmama do bezerro e idades ao primeiro e segundo partos. São estimadas diferenças esperadas na progênie (DEP) para efeitos diretos e maternos. Os parâmetros genéticos são estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genéticos dos animais por meio do BLUP (Best Linear Unbiased Predictor). Utilizam-se modelos estatísticos contendo efeitos fixos (grupo de contemporâneos, idade da vaca, etc.) e efeitos aleatórios. No entanto, a existência de interação genótipo x ambiente não é considerada.

1.2 HIPÓTESE

Existe interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama em bovinos da raça Canchim de diferentes rebanhos, localizados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil.

1.3 OBJETIVO

Este trabalho teve como objetivo estudar a existência de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama em bovinos da raça Canchim de diferentes rebanhos, localizados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil.

1.4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M. Critérios de seleção e a moderna pecuária bovina de corte brasileira. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande, **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002, p.56-67. CD ROM.

ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE MELHORAMENTO ANIMAL. REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 2004. CD ROM.

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, MG, v.34, n.2, p. 489-495, 2005.

ANUALPEC. **Anuário da Pecuária Brasileira**. São Paulo: Instituto FNP, 2006.

CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA (CEPEA -ESALQ). **PIB do agronegócio**, 2006. Disponível em: <www.cepea.esalq.usp.br/pib>. Acesso em: jan. 2007.

ESPASANDIN, A.C. **Estudos da interação genótipo x ambiente para peso à desmama em populações de raça Angus do Sul do Brasil e do Uruguai e suas implicações na avaliação genética internacional**. 2005. 74 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.

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

LEONARDI, S. Disponível em: <www.dsa.unipr.it>. Acesso em: jan. 2007.

MASCIOLI, A.S. **Interação genótipo x ambiente sobre o desempenho de animais Canchim e cruzados Canchim x Nelore**. 2000. 99 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2000.

CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO E PERÍMETRO ESCROTAL À DESMAMA DE BOVINOS NA RAÇA CANCHIM CRIADOS NAS REGIÕES SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL

RESUMO

O objetivo neste trabalho foi avaliar a existência de interação genótipo x ambiente para peso (PD) e perímetro escrotal (PE) à desmama em bovinos da raça Canchim pertencentes a rebanhos das regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Foram utilizados dados de 29.367 animais para as análises de PD e 8.800 animais para as análises de PE. O ambiente foi considerado como sendo a região de nascimento-criação do animal e foram utilizadas duas metodologias para avaliar a existência de interação. Na metodologia 1, foi estimada a correlação genética entre a mesma característica em dois ambientes diferentes (análises bicaráter), considerando-se a característica em cada região como sendo uma característica diferente, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, com modelo estatístico que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (criador - proprietário - ano e época de nascimento - sexo - grupo genético da mãe - regime alimentar) e da covariável idade da vaca (efeitos linear e quadrático) e idade do bezerro (efeito linear; apenas para PE), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual. Na metodologia 2, foram feitas análises unicaráter utilizando-se dois modelos idênticos ao anterior, mas um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro-região, e a diferença entre os dois modelos foi verificada pelo teste de razão de verossimilhança. As correlações genéticas entre PD e PE nas duas regiões foram iguais a 0,78 e 0,97, respectivamente, e houve diferença entre os modelos com e sem o efeito aleatório de touro-região, sugerindo a existência de interação genótipo x ambiente para as características nas populações estudadas.

Palavras-chave: bovinos de corte, desmama, parâmetros genéticos, seleção

GENOTYPE X REGION INTERACTION FOR WEIGHT AND SCROTAL CIRCUMFERENCE AT WEANING OF CANCHIM CATTLE RAISED IN SOUTHEAST AND MID WEST REGIONS OF BRAZIL

ABSTRACT

The objective in this study was to evaluate the existence of genotype x environment interaction for weight (WW) and scrotal circumference (SC) at weaning in Canchim cattle, using data belonging to herds from Southeast and Mid West regions of Brazil. Data on 29,367 and 8,800 animals were used for the analyses of WW and SC, respectively. The region the calf was born and raised was considered as the environment, and two methods were used to evaluate the interaction. In method 1, genetic correlation between the same trait in the two environments (two-trait analysis) was estimated, considering the trait in each region as a different trait, using the derivative free restricted maximum likelihood method, with a statistical model which included the fixed effects of contemporary group (breeder-owner-year and season of birth-sex-genetic group of dam-feeding regime) and the covariates age of dam (linear and quadratic effects) and age of calf (linear effect; only for SC), and the additive direct and maternal, permanent environmental and residual random effects. In method 2, one-trait analyses using two similar models were done, but one with and the other without the uncorrelated sire-region random effect, and the difference between them was tested by the likelihood ratio test. The genetic correlation between WW and SC in the two regions were equal to 0.78 and 0.97, respectively, and the models with and without sire-region effect were different, suggesting the existence of genotype x environment interaction for the traits in the studied population.

Key Words: beef cattle, weaning traits, genetic parameters, selection

INTRODUÇÃO

Em produção animal, genética, ambiente e a interação entre ambos são importantes na expressão da maioria das características (ALENCAR et al., 2005), portanto, melhorar o potencial genético do rebanho, por meio da seleção de reprodutores, melhorar o ambiente e adequar diferentes genótipos a determinados ambientes são medidas importantes, que devem ser consideradas para aumentar a eficiência dos sistemas de produção.

A existência de interação genótipo x ambiente é importante quando os genótipos apresentam desempenhos diferentes nos diferentes ambientes, podendo causar também mudanças nas estimativas de parâmetros genéticos e nos critérios de seleção de um ambiente para outro (ALENCAR et al., 2005). Em bovinos de corte, no Brasil, vários autores verificaram interação genótipo x ambiente para características de crescimento (CARDELINO et al. 1997; ELER et al., 2000; SOUZA et al., 2003; SIMONELLI, 2004; ALENCAR et al., 2005; ESPASANDIN et al., 2005; MASCIOLI et al., 2006), sugerindo que os programas de avaliação genética devem considerá-la, visando contribuir para o aumento da eficiência de seleção em bovinos.

A avaliação genética da raça Canchim em nível nacional é feita em parceria entre a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Canchim (ABCCAN) e a Embrapa-Geneplus, desde 1999. Essa avaliação genética é feita para várias características, em que são estimadas diferenças esperadas na progênie (DEP) para efeitos diretos e maternos, sem levar em conta a existência de interação genótipo x ambiente. Dentre as diversas características consideradas nesse programa de avaliação genética estão o peso e o perímetro escrotal à desmama, em razão da importância direta dessas características para o crescimento e a precocidade reprodutiva, e também pelas altas correlações genéticas com outras características de importância econômica. O objetivo neste trabalho foi avaliar a importância

da interação genótipo x região para o peso e o perímetro escrotal à desmama, em bovinos da raça Canchim, visando a fornecer subsídios para o programa de avaliação genética da raça.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Canchim. Foram utilizadas 29.367 e 8.800 observações de peso (PD) e de perímetro escrotal (PE) à desmama, respectivamente, de animais criados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. O conjunto de dados de PD continha animais nascidos entre 1988 e 2004, e para PE foram utilizados dados de animais nascidos entre 1995 e 2004. Os pesos à desmama foram padronizados para 220 dias de idade, utilizando-se o ganho médio diário do nascimento à desmama.

Os procedimentos “interactive data analysis” e “guided data analysis” (SAS, 2003) foram utilizados para verificar se a distribuição dos dados se ajustava à distribuição normal e para eliminar possíveis valores “outliers”.

Para avaliar a interação genótipo x ambiente, a região de nascimento-criação do animal foi considerada como ambiente e foram utilizados dois métodos, descritos a seguir.

No método 1, foram estimados componentes de (co)variância e demais parâmetros genéticos de PD e PE nas duas regiões, por meio de análise bicaráter, utilizando-se o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, considerando-se o peso e o perímetro escrotal como sendo características diferentes nas regiões Sudeste e Centro-Oeste. Para PD, o modelo estatístico incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (criador - proprietário - ano e época de nascimento - sexo - grupo genético da mãe - regime alimentar) e da covariável idade da vaca (efeitos linear e quadrático), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual. Para PE, o mesmo modelo foi utilizado,

mas sem o efeito de sexo no grupo de contemporâneos e com idade do bezerro (efeito linear) como covariável.

O modelo estatístico, representado na forma matricial, foi:

$$Y = Xb + Za + Mm + Wc + e$$

em que y = vetor das variáveis dependentes; b = vetor dos efeitos fixos (grupos de contemporâneos e covariáveis); a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos; c = vetor de efeitos de ambiente permanente materno (não correlacionado); e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X , Z , M e W são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito. As covariâncias entre ambiente permanente e entre resíduos nas regiões Sudeste e Centro-Oeste foram igualadas a zero nas análises bicaráter de PD e PE.

A época de nascimento foi formada por animais nascidos de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro, e o regime alimentar por animais em pastagem, em pastagem adubada, em pastagem adubada com manejo rotacionado, suplementados e de exposição. As mães dos bezerros eram dos seguintes grupos genéticos: 5/8 Charolês + 3/8 Zebu (filhas de touros Charolês e vacas 1/4 Charolês + 3/4 Zebu), V (filhas de touros Canchim e vacas 3/4 Canchim + 1/4 Zebu), MA (filhas de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 Nelore) e Canchim (filhas de touros e vacas Canchim, de touros Canchim e MA com vacas MA, e de touros Canchim com vacas V).

Também foram realizadas análises unicaráter dentro de cada região e do arquivo geral (união das duas regiões), utilizando-se os mesmos modelos.

Para as duas análises (uni e bicaráter), os touros com pelo menos cinco filhos em cada região foram classificados em ordem decrescente de valores genéticos dentro de cada região, para cálculo das correlações de Spearman entre suas classificações nas duas regiões.

A existência de interação genótipo x ambiente foi avaliada pela correlação genética da característica nas duas regiões e pelo valor da correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros nos dois ambientes. De acordo com Robertson (1959), correlações genéticas abaixo de 0,80 indicam a existência de interação genótipo x ambiente.

No método 2, foram realizadas análises das características nas duas regiões em conjunto, utilizando-se dois modelos idênticos ao anterior, mas um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro - região. Diferença significativa entre os dois modelos, pelo teste de razão de verossimilhança, indica a existência de interação genótipo x ambiente.

A estrutura dos dados e estatísticas descritivas de PD e PE são apresentadas na Tabela 1. As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidas utilizando-se o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1993).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de variância de PD por região, obtidos pelo Método 1, são apresentados na Tabela 2.

Observam-se alterações nas variâncias em relação às regiões. Considerando a análise bicaráter, as estimativas das variâncias genéticas aditivas direta e materna, de ambiente permanente, residual e fenotípico total foram 65,75%; 24,13%; 21,97%; 13,43% e 16,86% maiores na região Sudeste, respectivamente. Verifica-se na Tabela 1 que a média, a mediana, o desvio padrão e o coeficiente de variação também são maiores na região Sudeste.

Para PE os componentes de variância (Tabela 2) apresentam alterações semelhantes em relação às regiões e as estimativas de variância genética aditivas direta e materna, de ambiente permanente, residual e fenotípico total também foram, respectivamente, 14,28%; 380,0%; 47,36%; 31,55 e 23,86% maiores na região Sudeste. A média, a mediana, o desvio padrão e o coeficiente de variação também são maiores na região Sudeste (Tabela 1).

Tabela 1 - Estrutura dos dados do peso (PD, kg) e do perímetro escrotal (PE, cm) à desmama de animais Canchim nascidos nas regiões Sudeste (R1) e Centro-Oeste (R2) do Brasil

| Item ^a | PD | | | PE | | |
|-------------------|--------|-------|---------|-------|-------|---------|
| | R1 | R2 | R1 e R2 | R1 | R2 | R1 e R2 |
| Número | 21.210 | 8.157 | 29.367 | 6.099 | 2.701 | 8.800 |
| Pais | 773 | 378 | 1.012 | 434 | 258 | 615 |
| Mães | 10.013 | 4.313 | 14.045 | 4.331 | 2.096 | 6.388 |
| Avôs Maternos | 1.102 | 653 | 1.354 | 734 | 454 | 956 |
| GC | 2.707 | 1.217 | 3.923 | 799 | 450 | 1.249 |
| Média | 205 | 203 | 204 | 18,6 | 18,1 | 18,5 |
| Mediana | 205 | 201 | 204 | 18 | 18 | 18 |
| Mínimo | 76 | 87 | 76 | 12 | 12 | 12 |
| Máximo | 338 | 340 | 340 | 28 | 28 | 28 |
| DP | 39,80 | 35,69 | 38,71 | 2,34 | 2,01 | 2,25 |
| CV | 19,40 | 17,58 | 18,92 | 12,56 | 11,08 | 12,20 |

^a GC = grupo de contemporâneos; DP = desvio padrão; e CV = coeficiente de variação.

Nas análises unicaráter as estimativas das variâncias genéticas (Tabela 2), tanto de PD como de PE, apresentaram relações semelhantes e na mesma direção às encontradas nas análises bicaráter, ou seja, as estimativas das variâncias genéticas aditivas direta e materna, de ambiente permanente, residual e fenotípica total foram maiores na região Sudeste, para as duas características.

As diferentes proporções de cada componente de variância entre as duas regiões resultaram em diferentes estimativas de parâmetros genéticos nas duas regiões, principalmente para a herdabilidade direta. De fato, as estimativas de herdabilidade direta (h_a^2) e materna (h_m^2) das análises bicaráter (Tabela 3) foram numericamente maiores na região Sudeste do que na região Centro-Oeste, com exceção das herdabilidades materna para PD e direta para PE. Nas análises unicaráter (Tabela 3), as estimativas de herdabilidade direta e materna também foram maiores na região Sudeste, para PD. Souza et al. (2003), pelo método

REML, observaram mudanças nas estimativas de herdabilidade do peso à desmama de animais Nelore em oito regiões do Brasil. Toral et al. (2004) estudaram o peso à desmama de animais Nelore de três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul e verificaram, pelo método REML, que os componentes de variância aditivo direto e residual e as estimativas de herdabilidade foram diferentes entre as regiões. Alencar et al. (2005), pelo método REML, também observaram mudanças nos componentes de variância aditivo direto e residual do peso à desmama de animais Canchim nascidos no primeiro e no segundo semestres, o que foi também observado por Mascioli et al. (2006), por inferência bayesiana

Tabela 2 – Componentes^a de variância do peso (PD) e do perímetro escrotal (PE) à desmama de bovinos Canchim nascidos nas regiões Sudeste (R1) e Centro-Oeste (R2) do Brasil.

| Análise | | PD | | | | | PE | | | | |
|------------|----|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| | | σ_a^2 | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | σ_a^2 | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 |
| unicaráter | R1 | 120 | 68 | 114 | 532 | 790 | 0,55 | 0,24 | 0,29 | 2,47 | 3,27 |
| unicaráter | R2 | 75 | 26 | 108 | 469 | 674 | 0,34 | 0,03 | 0,18 | 1,95 | 2,62 |
| bicaráter | R1 | 121 | 72 | 111 | 532 | 790 | 0,56 | 0,24 | 0,28 | 2,46 | 3,27 |
| bicaráter | R2 | 73 | 58 | 91 | 469 | 676 | 0,49 | 0,05 | 0,19 | 1,87 | 2,64 |

^a σ_a^2 , σ_m^2 , σ_c^2 , σ_e^2 e σ_p^2 = componentes aditivos direto e materno, de ambiente permanente, residual e fenotípico total, respectivamente.

As alterações nos componentes de variância e as diferenças entre as herdabilidades podem evidenciar interação genótipo x ambiente para as características em estudo.

Observa-se (Tabela 3), que as estimativas de herdabilidade direta (h_a^2) e materna (h_m^2) foram semelhantes nos dois tipos de análises.

Tabela 3 – Estimativas de herdabilidades direta (h_a^2) e materna (h_m^2) e de correlações genéticas direta (ρ_a) para o peso (PD) e o perímetro escrotal (PE) à desmama de bovinos Canchim nascidos nas regiões Sudeste (R1) e Centro-Oeste (R2) do Brasil, obtidas de análises bicaráter e unicaráter

| Carat. | Parâmetro | Análises bicaráter | | | Análises unicaráter | |
|--------|-----------|--------------------|------|---------|---------------------|-----------------|
| | | R1 | R2 | R1 e R2 | R1 | R2 |
| PD | h_a^2 | 0,15 | 0,11 | | $0,15 \pm 0,01$ | $0,11 \pm 0,02$ |
| | h_m^2 | 0,09 | 0,09 | | $0,09 \pm 0,01$ | $0,01 \pm 0,06$ |
| | ρ_a | | | 0,78 | | |
| PE | h_a^2 | 0,17 | 0,19 | | $0,17 \pm 0,05$ | $0,13 \pm 0,06$ |
| | h_m^2 | 0,07 | 0,02 | | $0,08 \pm 0,04$ | $0,01 \pm 0,06$ |
| | ρ_a | | | 0,97 | | |

Os componentes de covariância entre os efeitos aditivos diretos e maternos para peso à desmama foram iguais a -46 e -14 nas análises bicaráter e -46 e -3 nas análises unicaráter, para as regiões Sudeste e Centro-Oeste, respectivamente, resultando em correlações negativas entre os efeitos aditivos diretos e maternos, iguais a, na mesma ordem, -0,50 e -0,23, e -0,51 e -0,07, respectivamente, mostrando antagonismo entre os efeitos. Já os componentes de covariância entre os efeitos aditivos diretos e maternos de perímetro escrotal à desmama foram iguais a -0,28 e 0,02 nas análises bicaráter e -0,29 e 0,10 nas análises unicaráter, para as regiões Sudeste e Centro-Oeste, respectivamente, resultando em correlações negativas entre os efeitos aditivos diretos e maternos, na região Sudeste e positiva na região Centro-Oeste iguais a, na mesma ordem, -0,79 e 0,12, e -0,80 e 0,99, respectivamente, mostrando antagonismo entre os efeitos apenas na região Sudeste.

A correlação genética (Tabela 3) entre PD nas regiões Sudeste e Centro-Oeste foi 0,78, sugerindo, segundo critério de Robertson (1959), a existência de interação genótipo x ambiente. Este resultado indica que os conjuntos gênicos responsáveis pelas variâncias genéticas de peso à desmama nas duas regiões não estão atuando da mesma forma, ou não são

exatamente os mesmos. Outros autores também obtiveram evidências de interação genótipo x ambiente em bovinos de corte no Brasil, utilizando essa mesma metodologia. Souza et al. (2003) reportaram interação genótipo x região para o peso à desmama na raça Nelore, com análise pelo método REML e modelo touro, observando correlações genéticas abaixo de 0,80 para a maioria das regiões estudadas. Espasandin et al. (2005), trabalhando com bezerros Angus do Brasil e do Uruguai, verificaram correlação genética igual a 0,76 entre o peso à desmama nos dois países.

Utilizando-se o índice $rr = h_1 h_2 r_a / h_1^2$ apresentado por Cameron (1997), e as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas pela análise bicaráter de peso à desmama, pode-se estimar que a seleção com base em avaliação genética realizada na região Centro-Oeste seria 0,66 tão eficiente para promover resposta na região Sudeste quanto a seleção direta realizada na região Sudeste. Se a seleção for baseada na região Sudeste, a resposta relativa na região Centro-Oeste será 0,91. Estes resultados indicam a existência interação genótipo x ambiente.

A correlação genética (Tabela 3) entre o perímetro escrotal à desmama nas regiões Sudeste e Centro-Oeste foi 0,97 sugerindo, segundo critério de Robertson (1959), que não existe interação genótipo x ambiente. No entanto, segundo Falconer & Mackay (1996), correlações genéticas diferentes de um indicam a existência de interação genótipo x ambiente. Neste caso, dependendo do critério adotado, pode-se considerar ou não a existência de interação genótipo x ambiente.

O índice de Cameron (1997) indica que, para PE, a seleção com base em avaliação genética realizada na região Centro-Oeste seria 1,02 tão eficiente para promover resposta na região Sudeste em relação à seleção direta realizada na região Sudeste. Se a seleção for baseada na região Sudeste, a resposta relativa na região Centro-Oeste será 0,91. Estes resultados indicam existência de interação genótipo x ambiente.

Para PD, as correlações de Spearman dos valores genéticos dos 62 touros com no mínimo cinco filhos em cada região, entre regiões, foram iguais a 0,28 e 0,85, nas análises uni e bicaráter, respectivamente. Considerando-se a análise unicaráter, o coeficiente de correlação de Spearman, apesar de significativo ($P < 0,01$), é de baixa magnitude, demonstrando que existe mudança na classificação dos animais de uma região para outra e que os valores genéticos dos animais nas duas regiões são diferentes. Neste caso, dos dez touros melhores classificados na região Sudeste apenas quatro estão entre os dez primeiros colocados na região Centro-Oeste. No caso da análise bicaráter, apesar de a correlação de Spearman ser alta, também há indícios de os touros apresentarem classificação diferente nas duas regiões. Neste caso, dos dez melhores touros classificados na região Sudeste, sete estão entre os dez primeiros colocados na região Centro-Oeste. Alencar et al. (2005) também encontraram, nas correlações de Spearman, valores de coeficientes maiores para a análise bicaráter, tanto para peso à desmama quanto para peso aos doze meses de idade. Provavelmente esta diferença entre as análises ocorre pelo fato de na análise bicaráter serem consideradas as informações das duas regiões na estimativa dos valores genéticos dos animais.

Como houve mudanças na classificação dos touros e variação entre os valores genéticos do mesmo touro em regiões diferentes, há indícios de interação genótipo x ambiente para PD. Outros autores também observaram mudanças na classificação de touros de acordo com o ambiente. Alencar (1985), na raça Canchim, observou mudanças na classificação dos touros dentro de época de nascimento dos bezerros, quando foram ordenados pelos seus valores genéticos para peso à desmama, obtidos por quadrados mínimos. Resultados semelhantes foram obtidos por Alencar et al. (2005) pela metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML). Souza et al. (2003) também reportaram mudanças nas classificações dos touros quanto à diferença esperada na progênie para peso à desmama, dependendo da região. Espasandin et al. (2005) estimaram correlações de Spearman que

variaram de 0,24 a 0,85 entre a classificação de touros Angus no Brasil e no Uruguai, indicando mudanças importantes na classificação dos touros.

Para PE as correlações de Spearman dos valores genéticos dos 30 touros com no mínimo cinco filhos em cada região foram iguais a 0,31 e 0,98, nas análises uni e bicaráter, respectivamente. Para PE, dos dez touros melhores classificados pelos valores genéticos estimados na região Sudeste, apenas um não estava entre os dez melhores classificados da região Centro-Oeste, tanto na análise unicaráter quanto na bicaráter, indicando pouca mudança de posto de uma região para outra.

Foi feita também a análise para as duas regiões em conjunto (arquivo geral) sem considerar a interação entre regiões, e os touros com no mínimo cinco filhos em cada região foram classificados pelo seu valor genético. As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos touros obtidos pelas análises unicaráter e os valores genéticos obtidos pelo arquivo geral foram iguais a 0,85 e 0,76 para a região Sudeste e 0,63 e 0,73 para a região Centro-Oeste, para PD e PE, respectivamente. Para a análise bicaráter, as correlações foram, na mesma ordem, 0,96 e 0,94, para PD e 0,99 e 0,97, para PE, respectivamente. Esses resultados mostram que a classificação dos touros dentro de cada região é semelhante pela análises bicaráter e geral, enquanto que pelas análises unicaráter a classificação dos touros é diferente da obtida pela análise geral. Mostra também que as correlações são maiores para a região Sudeste, aquela que compõe a maioria dos dados do arquivo total.

No Método 2, a diferença entre o modelo sem o efeito não correlacionado de touro-região (modelo1) e o modelo com efeito não correlacionado de touro-região (modelo2), verificada pelo teste de χ^2 com um grau de liberdade foi significativa para PD ($P < 0,01$) e para PE ($P < 0,05$), indicando, em ambos os casos, que o efeito não correlacionado de touro-região foi importante (Tabela 4), evidenciando, conseqüentemente, a existência de interação genótipo x ambiente. No Brasil, outros autores também reportaram resultados semelhantes.

Nobre et al. (1988) verificaram interações touro x época de nascimento e touro x rebanho significativas para pesos em bovinos Nelore. Eler et al. (2000) verificaram efeito significativo da interação touro x rebanho para o peso à desmama na raça Nelore. Alencar et al. (2005) verificaram interação touro x época de nascimento significativa sobre o peso à desmama de bezerros Canchim.

Os componentes de variância direta e materna (Tabela 4) de PD foram respectivamente, 108,00% e 30,61% maiores no modelo 1, e a variância do resíduo foi 5,02% maior no modelo 2; conseqüentemente, a herdabilidade direta da característica foi menor no modelo com o efeito não correlacionado de touro-região. Eler et al. (2000), na raça Nelore, encontraram a mesma tendência de mudanças nos componentes de variância ao comparar modelos com e sem o efeito não correlacionado de touro-rebanho, em estudo de peso ao nascimento e peso à desmama. Alencar et al. (2005) também verificaram diferença significativa entre os modelos com e sem o efeito não correlacionado de touro-época de nascimento, para peso à desmama de animais Canchim.

Para PE, o componente de variância direta foi 11,2 vezes maior no modelo 1 (Tabela 4), a variância materna foi quatro vezes maior no modelo 1 e a variância do resíduo foi 10,48% maior no modelo 2, resultando em herdabilidade direta também menor no modelo com o efeito não correlacionado de touro-região.

Os resultados obtidos neste estudo sugerem a existência de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama de bovinos da raça Canchim. Portanto, sugere-se que essa interação seja considerada por ocasião da avaliação genética para essas características na raça.

Tabela 4 - Componentes de variância aditivos direto (σ_a^2) e materno (σ_m^2), de ambiente permanente (σ_c^2), residual (σ_e^2), fenotípico total (σ_p^2) e de touro-região (σ_{sr}^2), herdabilidade direta, e valores da função de máxima verossimilhança, obtidas em análises com (M1) e sem (M2) efeito não correlacionado de touro-região para o peso (PD) e o perímetro escrotal (PE) à desmama

| Car. | | σ_a^2 | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | σ_{tr}^2 | h^2 | -2logL | χ^2 |
|------|-----|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-----------------|-------------|---------|----------|
| PD | M 1 | 104 | 64 | 111 | 517 | 758 | - | 0,14 ± 0,02 | 198.828 | 13** |
| | M 2 | 50 | 49 | 110 | 543 | 756 | 14 | 0,07 ± 0,02 | 198.815 | |
| PE | M 1 | 0,56 | 0,20 | 0,26 | 2,29 | 3,09 | - | 0,18 ± 0,04 | 17.811 | 5* |
| | M 2 | 0,05 | 0,05 | 0,26 | 2,53 | 3,07 | 0,11 | 0,02 ± 0,04 | 17.806 | |

*P<0,05.

**P<0,01.

CONCLUSÕES

O peso e o perímetro escrotal à desmama dos animais Canchim nascidos nas regiões Sudeste e Centro-Oeste podem ser considerados como características diferentes.

A interação genótipo x ambiente evidenciada neste trabalho para peso e perímetro escrotal à desmama sugere que devem-se escolher touros apropriados para cada região.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M. Estudo da interação touro x época de nascimento em um rebanho Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.14, p. 224-234, 1985.

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, MG, v.34, n.2, p. 489-495, 2005.

BOLDMAN, K. G. et al. **Manual for use of MTDFREML: A set of programs to obtain estimates of variance and covariance**. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1993. 120p.

CAMERON, N.D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. Edinburgh, UK: CAB International, 1997. 202p.

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

ELER, J.P. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.29, n.6, p. 1642-1648, 2000.

ESPASANDIN, A.C.; ALENCAR, M.M.; URIOSTE, J.I. Algumas implicações da interação genótipo x país nos resultados das avaliações genéticas da raça Angus do Brasil e do Uruguai. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia, **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. 1 CD ROM.

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

MASCIOLI, A.S. et al. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando Inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.6, p. 2275-2284, 2006.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interações reprodutor x estação de nascimento e reprodutor x fazenda sobre características de crescimento de bezerros Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.17, n.2, p.120-131, 1988.

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

SAS. **Statistical analysis systems user's guide**: Version 9.1. Cary: SAS Institute, 2003.

SIMONELLI, S.M. **Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente no desempenho de animais Nelore em diferentes regiões do Estado do Mato Grosso do Sul**. 2004. 117 p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Centro de Ciências Agrárias. Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2004.

SOUZA, J.C. et al. Estimates of genetic parameters and evaluation of genotype x environment interaction for weaning weight in Nellore cattle. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.11, n.2, p.94-100, 2003.

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, MG, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

CAPÍTULO 3 - INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO À DESMAMA DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM CRIADOS EM TRÊS REGIÕES DO ESTADO DE SÃO PAULO

RESUMO

O objetivo neste trabalho foi avaliar a existência de interação genótipo x ambiente para peso à desmama em bovinos da raça Canchim pertencentes a rebanhos localizados em três regiões homogêneas de produção do estado de São Paulo. Foram utilizados dados de 15.041 animais nascidos entre 1988 e 2004. A região de nascimento-criação do animal, dentro do estado de São Paulo, dividido em três regiões homogêneas de produção, foi considerada como ambiente, e foram utilizadas duas metodologias para avaliar a existência de interação. Na metodologia 1, foi estimada a correlação genética entre peso à desmama nas três regiões (análises tricaráter), considerando-se o peso à desmama como sendo uma característica diferente em cada região, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML), com modelo estatístico que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (criador - proprietário - ano e época de nascimento - sexo - grupo genético da mãe - regime alimentar) e da covariável idade da vaca (efeitos linear e quadrático), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual. Na metodologia 2, foram feitas análises unicaráter utilizando-se dois modelos idênticos ao anterior, mas um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro-região, e a diferença entre os dois modelos foi verificada pelo teste de razão de verossimilhança. As correlações genéticas entre peso à desmama nas regiões Oeste de São Paulo-Paraná e Araraquara, Oeste de São Paulo-Paraná e Leiteira, e Araraquara e Leiteira, foram iguais a 0,87, 0,69 e 0,76, respectivamente, e houve diferença entre os modelos, sugerindo a existência de interação genótipo x ambiente para peso à desmama nas populações estudadas.

Palavras-chave: bovinos de corte, desmama, parâmetros genéticos, seleção

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION FOR WEANING WEIGHT OF CANCHIM CATTLE RAISED IN THREE REGIONS IN THE STATE OF SÃO PAULO, BRAZIL

ABSTRACT

The objective in this study was to evaluate genotype x environment interaction for weaning weight of Canchim cattle from herds in the State of São Paulo, Brazil. Data on 15,041 animals born from 1988 to 2004 were used. The state was divided in three homogeneous regions to represent environment, and two methods were used to evaluate the interaction. In method 1, genetic correlation between the same trait in the three environments (three-trait analysis) was estimated, considering the trait in each region as a different trait, using the derivative free restricted maximum likelihood method, with a statistical model which included the fixed effects of contemporary group (breeder-owner-year and season of birth-sex-genetic group of dam-feeding regime) and the covariate age of dam (linear and quadratic effects), besides the additive direct and maternal, permanent environmental and residual random effects. In method 2, one-trait analyses using two models similar to the one just described were done, but one with and the other without the uncorrelated sire-region random effect, and the difference between them was tested by the likelihood ratio test. The genetic correlation between weaning weight in regions West of São Paulo-Paraná and Araraquara, West of São Paulo-Paraná and Leiteira, and Araraquara and Leiteira were equal to 0.87, 0.69 and 0.76, respectively, and the models with and without sire-region effect were different, suggesting the existence of genotype x environment interaction for the trait in the studied population.

Key Words: beef cattle, body weight, genetic parameters, selection

INTRODUÇÃO

A produtividade de um sistema de produção animal depende do potencial genético da população utilizada, do ambiente de criação e da interação entre ambos, portanto, melhorar o potencial genético do rebanho, por meio da seleção de reprodutores, melhorar o ambiente e adequar diferentes genótipos a determinados ambientes são medidas importantes, para aumentar a eficiência dos sistemas de produção.

No Brasil, com a implementação dos programas de avaliação genética de bovinos de corte, em que são utilizados animais de rebanhos localizados em diferentes regiões do País e criados sob diferentes estratégias de manejo, vários trabalhos têm sido realizados para investigar a existência de interação genótipo x ambiente para características de interesse econômico. Nesses estudos, consideraram-se as interações genótipo x país (CARDELINO et al., 1997; ESPASANDIN et al., 2005), nas raças Hereford e Angus, touro x rebanho (NOBRE et al., 1988; ELER et al., 2000), touro x sexo (ROSA et al., 1982) e touro x microrregião determinada por componentes geográficos e níveis de produtividade dos sistemas de produção (SOUZA et al., 2003; TORAL et al., 2004), na raça Nelore, genótipo x época ou estação de nascimento (ALENCAR, 1985; NOBRE et al., 1988; ALENCAR et al., 2005; MASCIOLI et al., 2006), nas raças Canchim e Nelore, e ambientes caracterizados por variáveis geográficas (latitude e longitude), topográficas (altitude), climáticas (temperatura e precipitação), de manejo (mês de nascimento e de desmama, idade à desmama) e de produção (peso à desmama) (ESPASANDIN, 2005), na raça Angus. Esses trabalhos, em geral, evidenciaram a existência de interação genótipo x ambiente para características de crescimento.

Na avaliação genética da raça Canchim em nível nacional, feita para características de crescimento, morfológicas e de reprodução, a interação genótipo x ambiente não é levada em consideração. Entretanto, Carvalho et al. (2007), estudando o peso à desmama de animais Canchim nascidos e criados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do País, verificaram

evidências de interação genótipo x ambiente, quando a região foi considerada como o ambiente. O objetivo neste trabalho foi avaliar a importância da interação genótipo x ambiente sobre o peso à desmama de bovinos da raça Canchim nascidos e criados no estado de São Paulo, classificando-se o ambiente em três regiões homogêneas de produção conforme classificação de Arruda & Sugai (1994).

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Canchim, parceria entre a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Canchim (ABCCAN) e a Embrapa-Genplus. Foram utilizados dados de 15.041 animais nascidos entre 1988 e 2004, no estado de São Paulo. Os pesos à desmama foram padronizados para 220 dias de idade, utilizando-se o ganho médio diário do nascimento à desmama.

Os procedimentos “interactive data analysis” e “guided data analysis” (SAS, 2003) foram utilizados para verificar se a distribuição dos dados se ajustava à distribuição normal e para eliminar possíveis valores “outliers”.

A região de nascimento-criação do animal, após subdivisão do estado de São Paulo em três regiões homogêneas de produção, segundo a classificação de Arruda & Sugai (1994), foi considerada como ambiente, a saber: Oeste de São Paulo-Paraná, Araraquara e Leiteira (Tabela 1 e Figura 1).

A região de produção Oeste de São Paulo-Paraná (RP-37) destaca-se como importante região do País na produção de bovinos de corte, com posição favorável em relação aos principais mercados consumidores e média de lotação de 1,10 bovino adulto por hectare. O relevo é de planalto, com altitudes médias entre 250 e 300 metros e os solos são de média e

alta fertilidade. A precipitação média anual é de 1.250 mm e a temperatura média anual varia entre 20°C e 23°C.

Tabela 1 - Características das regiões homogêneas de produção Oeste de São Paulo - Paraná (RP-37), Araraquara (RP-38) e Leiteira (RP-39), dentro do estado de São Paulo, segundo Arruda & Sugai (1994)

| Item ^a | RP-37 | RP-38 | RP-39 |
|---------------------|--------------|---------------|--------------|
| Relevo | Planalto | Ondulado | Montanhoso |
| Altitude, m | 250-300 | 300-1.000 | 1.000-2.000 |
| Fertilidade do solo | Média e alta | Média e baixa | Média e alta |
| Temperatura, °C | 20-23 | 18-22 | 18-20 |
| Precipitação, mm | 1.250 | 1.000-1.500 | 1.500 |
| Finalidade | Corte | Corte e leite | Leite |
| Lotação, UA/ha | 1,10 | 0,83 | 0,63 |

^aUA/ha = unidade animal (450 kg) por hectare.

A região de produção Araraquara (RP-38) identifica-se como região de transição entre a pecuária extensiva de corte a oeste e a pecuária leiteira a nordeste. O relevo também de transição, entre o planalto ocidental paulista e o planalto cristalino atlântico, varia de ondulado a montanhoso, com altitudes médias entre 300 e 1.000 metros e os solos em geral são de média a baixa fertilidade. A precipitação e as temperaturas médias anuais variam entre 1.000 mm e 1.500 mm e 18°C e 22°C, respectivamente, e a média de lotação é igual a 0,83 bovino adulto por hectare.

A região de produção Leiteira (RP-39) é a região de maior produção leiteira do País e também apresenta grande rebanho de corte, mas menor do que a região Oeste de São Paulo-Paraná (RP-37). Com relevo montanhoso que inclui a serra do Mar e a serra da Mantiqueira, tem altitudes que variam de 1.000 a 2.000 metros e a média anual da temperatura entre 18°C e

20°C. A precipitação média anual é de 1.500 mm, os solos em geral são de média e alta fertilidade e a média de lotação é igual a 0,63 bovino adulto por hectare.

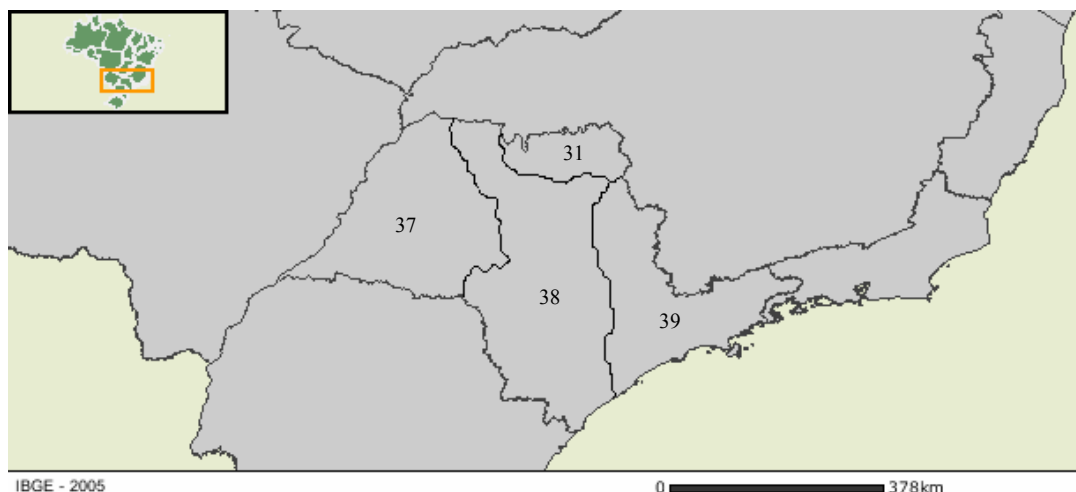


Figura 1 – Apresentação das regiões homogêneas de produção, dentro do estado de São Paulo, segundo Arruda & Sugai (1994). As regiões Triângulo Mineiro, Oeste de São Paulo-Paraná, Araraquara e Leiteira, são representadas pelos números 31, 37, 38, 39, respectivamente. Fonte: IBGE (2005 - Modificado) www.ibge.gov.br/mapas/ e Arruda & Sugai (1994).

Embora parte da região homogênea de produção Triângulo Mineiro (RP-31) ocupe terras dentro do estado de São Paulo, essa região não foi considerada nas análises deste estudo, pois, nesta porção da RP-31, localizada dentro de São Paulo, não há registro de dados de criadores de animais da raça Canchim.

Para avaliar a existência de interação, foram utilizados dois métodos, descritos a seguir.

No método 1, foram estimados componentes de (co)variância e demais parâmetros genéticos de peso à desmama nas três regiões, por meio de análise tricaráter, considerando-se o peso à desmama como sendo uma característica diferente em cada região. Utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, com modelo estatístico que

incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (criador - proprietário - ano e época de nascimento - sexo - grupo genético da mãe - regime alimentar) e da covariável idade da vaca (efeitos linear e quadrático), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual.

O modelo estatístico, representado na forma matricial, foi:

$$Y = Xb + Za + Mm + Wc + e$$

em que y = vetor das variáveis dependentes; b = vetor dos efeitos fixos (grupos de contemporâneos e covariáveis); a = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; m = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos; c = vetor de efeitos de ambiente permanente materno (não correlacionado); e = vetor de erros aleatórios residuais associados às observações; e X , Z , M e W são as respectivas matrizes de incidência para cada efeito. As covariâncias entre ambiente permanente e entre resíduos nas regiões RP-37, RP-38, RP-38 foram consideradas iguais a zero na análise tricaráter.

A época de nascimento (quatro) foi formada por animais nascidos de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro, e o regime alimentar (cinco) por animais criados em pastagem, em pastagem adubada e em pastagem adubada com manejo rotacionado, suplementados e de exposição.

Também foram realizadas análises unicaráter dentro de cada região homogênea de produção e do arquivo geral (união das três regiões homogêneas), utilizando-se os mesmos modelos.

Para as duas análises (uni e tricaráter), os touros com pelo menos cinco filhos em cada região foram classificados em ordem decrescente de valores genéticos dentro de cada região, para cálculo das correlações de Spearman entre suas classificações, nas três regiões avaliadas, agrupadas, duas a duas.

A existência de interação genótipo x ambiente foi avaliada pela correlação genética do peso à desmama nas três regiões e pelo valor da correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros nos três ambientes, avaliados dois a dois. De acordo com Robertson (1959), correlações genéticas abaixo de 0,80 indicam a existência de interação genótipo x ambiente.

No método 2, foram realizadas análises unicaráter do peso à desmama nas três regiões em conjunto, e também análises das regiões agrupadas duas a duas, utilizando-se dois modelos idênticos ao apresentado no método 1, mas um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro - região. Diferença significativa entre os dois modelos, pelo teste de razão de verossimilhança, indica a existência de interação genótipo x ambiente.

A estrutura dos dados e estatísticas descritivas do peso à desmama são apresentadas na Tabela 2. As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidas utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1993).

Tabela 2 - Estrutura dos dados do peso à desmama (PD, kg) de animais Canchim nascidos nas regiões Oeste de São Paulo (RP-37), Araraquara (RP-38) e Leiteira (RP-39), dentro do estado de São Paulo

| Item ^a | RP-37 | RP-38 | RP-39 | Total |
|-------------------|-------|-------|-------|--------|
| Número | 4.767 | 7.553 | 2.721 | 15.041 |
| Mães | 2.514 | 3.836 | 1.490 | 7.745 |
| Pais | 206 | 384 | 180 | 654 |
| GC | 438 | 1.202 | 464 | 2.104 |
| Média | 188 | 202 | 214 | 200 |
| Mediana | 187 | 202 | 214 | 200 |
| Desvio padrão | 37,0 | 39,5 | 39,9 | 39,9 |
| CV | 19,7 | 19,5 | 18,6 | 19,9 |
| Mínimo | 76 | 79 | 91 | 76 |
| Máximo | 337 | 338 | 330 | 338 |

^a GC = grupo de contemporâneos; CV = coeficiente de variação.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de variância de peso à desmama por região homogênea de produção, obtidos pelo Método 1, são apresentados na Tabela 3.

Observam-se alterações nas variâncias em relação às regiões. Considerando a análise tricaráter, as estimativas das variâncias genéticas aditivas direta e materna e fenotípica total na RP-39 foram 61,7%; 63,0% e 10,1% maiores quando comparadas a RP-38, respectivamente, e 243,1%; 167,8% e 7,9% maiores quando comparadas a RP-37, respectivamente. Verifica-se na Tabela 2 que a região com maiores média, mediana e desvio padrão também é a RP-39, seguida em ordem decrescente, pelas RP-38 e RP-37.

Tabela 3 - Componentes^a de variância do peso à desmama de bovinos Canchim nascidos nas regiões Oeste de São Paulo - Paraná (RP-37), Araraquara (RP-38) e Leiteira (RP-39), dentro do estado de São Paulo

| Análise | Região | σ_a^2 | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 |
|------------|--------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| Unicaráter | RP-37 | 57 | 53 | 131 | 571 | 756 |
| Unicaráter | RP-38 | 116 | 72 | 118 | 484 | 760 |
| Unicaráter | RP-39 | 229 | 151 | 112 | 485 | 844 |
| Tricaráter | RP-37 | 58 | 56 | 128 | 571 | 777 |
| Tricaráter | RP-38 | 123 | 92 | 117 | 480 | 762 |
| Tricaráter | RP-39 | 199 | 150 | 111 | 503 | 839 |

^a σ_a^2 , σ_m^2 , σ_c^2 , σ_e^2 e σ_p^2 = componentes de variância aditivos direto e materno, de ambiente permanente, residual e fenotípico total, respectivamente.

As estimativas de herdabilidades direta (h_a^2) e materna (h_m^2), na análise tricaráter (Tabela 4), foram numericamente maiores na RP-39, seguidas, novamente em ordem

decrecente, pelas RP-38 e RP-37. Nas análises unicaráter, em razão dos elevados erros-padrão, as estimativas das herdabilidades direta e materna são semelhantes nas três regiões. Souza et al. (2003) observaram mudanças nas estimativas de herdabilidade do peso à desmama de animais Nelore em oito regiões do Brasil. Toral et al. (2004) estudaram o peso à desmama de animais Nelore de três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul e verificaram, pelo método REML, que os componentes de variância aditivo direto e residual e as estimativas de herdabilidade foram diferentes entre as regiões. Alencar et al. (2005), pelo método REML, também observaram mudanças nos componentes de variância aditivo direto e residual do peso à desmama de animais Canchim nascidos no primeiro e no segundo semestres, o que foi também observado por Mascioli et al. (2006), por inferência bayesiana.

Tabela 4 - Estimativas de herdabilidades direta (h_a^2) e materna (h_m^2) e de correlações genéticas direta (ρ_a) para o peso à desmama de bovinos Canchim nascidos nas regiões Oeste de São Paulo (RP-37), Araraquara (RP-38) e Leiteira (RP-39), dentro do estado de São Paulo, obtidas em análises tricaráter e unicaráter

| Região | Análise Tricaráter | | | Análise Unicaráter | |
|---------------|--------------------|---------|----------|--------------------|-------------|
| | h_a^2 | h_m^2 | ρ_a | h_a^2 | h_m^2 |
| RP-37 | 0,07 | 0,07 | | 0,07 ± 0,03 | 0,07 ± 0,04 |
| RP-38 | 0,16 | 0,12 | | 0,15 ± 0,04 | 0,10 ± 0,03 |
| RP-39 | 0,24 | 0,18 | | 0,23 ± 0,08 | 0,18 ± 0,07 |
| RP-37 e RP-38 | | | 0,87 | | |
| RP-37 e RP-39 | | | 0,69 | | |
| RP-38 e RP-39 | | | 0,76 | | |

Observa-se (Tabela 4), que as estimativas de herdabilidade direta (h_a^2) e materna (h_m^2) foram semelhantes nos dois tipos de análises.

Os componentes de covariância entre os efeitos aditivos diretos e maternos para peso à desmama foram iguais a -36, -50 e -124 nas análises tricaráter e -37, -32 e -135 nas análises unicaráter, para as RP-37, RP-38 e RP-39, respectivamente, resultando em correlações negativas entre os efeitos aditivos diretos e maternos, iguais a, na mesma ordem, -0,63; -0,47 e -0,72 e -0,67; -0,34 e -0,72, respectivamente, mostrando antagonismo entre os efeitos.

As correlações genéticas (Tabela 4) entre o peso à desmama foram iguais a 0,67 e 0,76 entre as RP-37 e RP-39, e RP-38 e RP-39, respectivamente, sugerindo, segundo critério de Robertson (1959), a existência de interação genótipo x ambiente. Já a correlação genética entre o peso à desmama nas regiões RP-37 e RP-38 foi igual a 0,87, sugerindo, segundo critério de Robertson (1959), que não existe interação genótipo x ambiente. No entanto, segundo Falconer & Mackay (1996), correlações genéticas diferentes de um indicam a existência de interação genótipo x ambiente. Estes resultados são interessantes, pois justamente nas duas regiões de maior tradição de criação de bovinos de corte, regiões RP-37 e RP-38, a interação é menos evidente, enquanto que entre as regiões mais distintas, regiões RP-37 e RP-38 com a região RP-39, a interação é mais clara, principalmente entre as regiões R37 e R39, que além de mais diferentes pelos parâmetros da Tabela 1, são mais distantes geograficamente (Figura 1).

Este resultado indica que os conjuntos gênicos responsáveis pelas variâncias genéticas de peso à desmama, em pelo menos duas das três regiões, não estão atuando da mesma forma, ou não são exatamente os mesmos. Outros autores também obtiveram evidências de interação genótipo x ambiente em bovinos de corte no Brasil, utilizando essa mesma metodologia. Souza et al. (2003) reportaram interação genótipo x região para o peso à desmama na raça Nelore, com análise pelo método REML e modelo touro, observando correlações genéticas abaixo de 0,80 para a maioria das regiões estudadas, quando consideraram oito regiões no Brasil, também classificadas por Arruda & Sugai (1994). Espasandin et al. (2005),

trabalhando com bezerros Angus do Brasil e do Uruguai, verificaram correlação genética igual a 0,76 entre o peso à desmama nos dois países. Carvalho et al. (2007) obtiveram correlação genética do peso à desmama de bovinos Canchim das regiões Sudeste e Centro-Oeste igual a 0,78.

Utilizando-se o índice $rr = h_1 h_2 r_a / h_1^2$ apresentado por Cameron (1997), e as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas pela análise tricaráter de peso à desmama, pode-se estimar que a seleção com base em avaliação genética realizada na RP-38 seria 1,31 e 0,62 tão eficiente quanto à seleção direta para promover respostas nas RP-37 e RP-39, respectivamente. Se a seleção for baseada em avaliação genética realizada na RP-37, as respostas relativas nas RP-38 e RP-39 serão de 0,58 e 0,37, respectivamente, e se a seleção for baseada na RP-39, as respostas relativas nas RP-37 e RP-38 serão de 1,27 e 0,93, respectivamente. Estes resultados indicam a existência de interação genótipo x ambiente. Além disso, indicam que a resposta à seleção na RP-37, seria 31% e 27% maior se os animais fossem avaliados nas RP-38 e RP-39, respectivamente. Isto ocorre em razão das estimativas de herdabilidade que são numericamente maiores nas regiões RP-38 e RP-39, mas deve ser visto com cautela, uma vez que os erros das estimativas de herdabilidade são altos, indicando que os valores não são diferentes como parecem.

As correlações de Spearman dos valores genéticos dos 26 touros com no mínimo cinco filhos em cada região, entre as regiões, foram iguais a 0,48; 0,16 e 0,30, nas análises unicaráter e 0,92; 0,84 e 0,89, nas análises tricaráter, entre as regiões RP-37 e RP38, RP-37 e RP-39, e RP-38 e RP-39, respectivamente. Considerando-se a análise unicaráter, os coeficientes de correlação de Spearman, apesar de significativos ($P < 0,01$), são de baixa magnitude, demonstrando que existe mudança na classificação dos animais de uma região para outra e que os valores genéticos dos animais, comparados em duas regiões são diferentes. Neste caso, dos dez touros melhores classificados na RP-37, apenas quatro e três estão entre

os dez primeiros colocados nas RP-38 e RP-39, respectivamente, e dos dez melhores na RP-38, quatro estão entre os dez melhores na RP-39. No caso da análise tricaráter, apesar de a correlação de Spearman ser alta, também há indícios de os touros apresentarem classificação diferente, quando comparados em duas regiões. Neste caso, dos dez touros melhores classificados na RP-37, oito e sete estão entre os dez primeiros colocados nas RP-38 e RP-39, respectivamente, e dos dez melhores na RP-38, sete estão entre os dez melhores na RP-39. Estes resultados são concordantes com aqueles obtidos pelas correlações genéticas, em que os valores foram maiores para as regiões mais próximas e mais semelhantes quanto aos parâmetros da Tabela 1. Alencar et al. (2005) encontraram, nas correlações de Spearman, valores de coeficientes maiores para a análise bicaráter, tanto para peso à desmama quanto para peso aos doze meses de idade. Provavelmente esta diferença entre as análises ocorre pelo fato de na análise tricaráter serem consideradas as informações das três regiões na estimativa dos valores genéticos dos animais.

Como houve mudanças na classificação dos touros e variação entre os valores genéticos do mesmo touro em regiões diferentes, há indícios de interação genótipo x ambiente para peso à desmama, dentro do estado de São Paulo. Outros autores também observaram mudanças na classificação de touros de acordo com o ambiente. Alencar (1985), na raça Canchim, observou mudanças na classificação dos touros dentro de época de nascimento dos bezerros, quando foram ordenados pelos seus valores genéticos para peso à desmama, obtidos por quadrados mínimos. Resultados semelhantes foram obtidos por Alencar et al. (2005) pela metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML). Souza et al. (2003) também reportaram mudanças nas classificações dos touros quanto à diferença esperada na progênie para peso à desmama, dependendo da região. Toral et al. (2004) obtiveram correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos de touros Nelore para peso à desmama em três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul que variaram de 0,31 a 0,47. Espasandin et al.

(2005) estimaram correlações de Spearman que variaram de 0,24 a 0,85 entre a classificação de touros Angus no Brasil e no Uruguai, indicando mudanças importantes na classificação dos touros. Carvalho et al. (2007) também verificaram mudanças na classificação de touros Canchim quanto ao valor genético predito para o peso à desmama nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do País.

Foi feita também a análise das três regiões em conjunto (arquivo geral) sem considerar a interação entre regiões, e os touros com no mínimo cinco filhos em cada região foram classificados pelo seu valor genético. As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos touros obtidos pelas análises unicaráter e os valores genéticos obtidos pelo arquivo geral foram iguais a 0,74; 0,83 e 0,66 para RP-37, RP-38 e RP-39, respectivamente. Para a análise tricaráter, as correlações foram, na mesma ordem, 0,90; 0,93 e 0,87. Esses resultados mostram que as classificações dos touros dentro de cada região são mais semelhantes entre as análises tricaráter e geral, do que entre as análises unicaráter e geral. Mostram também que as correlações são maiores para a RP-38, que compõe aproximadamente metade dos dados do arquivo total.

No Método 2, a diferença entre o modelo com o efeito não correlacionado de touro-região (modelo1) e o modelo sem efeito não correlacionado de touro-região (modelo2), verificada pelo teste de χ^2 com um grau de liberdade foi significativa para o arquivo geral ($P < 0,01$) e também para as regiões analisadas duas a duas, RP-37 e RP-38 ($P < 0,01$), RP-37 e RP-39 ($P < 0,05$) e RP-38 e RP-39 ($P < 0,01$), indicando, para todos os casos analisados, que o efeito não correlacionado de touro-região foi importante (Tabela 5), evidenciando, conseqüentemente, a existência de interação genótipo x ambiente. No Brasil, outros autores também reportaram resultados semelhantes. Nobre et al. (1988) verificaram interações touro x época de nascimento e touro x rebanho significativas para pesos em bovinos Nelore. Eler et al. (2000) verificaram efeito significativo da interação touro x rebanho para o peso à desmama

na raça Nelore. Alencar et al. (2005) e Carvalho et al. (2007) verificaram, respectivamente, interações touro x época de nascimento e touro x região significativas sobre o peso à desmama de bezerros Canchim.

No caso do arquivo geral, os componentes de variância direta e materna de peso à desmama foram, respectivamente, 82,21% e 21,15% maiores no modelo sem efeito não correlacionado de touro-região, e a variância do resíduo foi 3,81% maior no modelo com efeito não correlacionado de touro-região (Tabela 5). A mesma tendência ocorreu nas análises dos arquivos contendo as regiões agrupadas duas a duas, com componentes de variância direta e materna maiores e variância do resíduo menores no modelo sem o efeito não correlacionado de touro-região. Conseqüentemente, a herdabilidade direta da característica foi menor no modelo com o efeito não correlacionado de touro-região, em todas as análises. Eler et al. (2000), na raça Nelore, encontraram a mesma tendência de mudanças nos componentes de variância ao comparar modelos com e sem o efeito não correlacionado de touro-rebanho, em estudo de peso ao nascimento e peso à desmama. Alencar et al. (2005) e Carvalho et al. (2007) também verificaram, respectivamente, diferenças significativas entre os modelos com e sem o efeito não correlacionado de touro-época de nascimento e touro-região, para peso à desmama de animais Canchim.

Os resultados obtidos neste estudo sugerem a existência de interação genótipo x ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim no estado de São Paulo. Portanto, sugere-se que essa interação seja considerada por ocasião da avaliação genética para essas características na raça.

Tabela 5 – Componentes de variância aditivos direto (σ_a^2) e materno (σ_m^2), de ambiente permanente (σ_c^2), residual (σ_e^2), fenotípico total (σ_p^2) e de touro-região (σ_{tr}^2), herdabilidade direta, e valores da função de máxima verossimilhança, obtidas em análises com (M1) e sem (M2) o efeito não correlacionado de touro-região para o peso à desmama

| Arquivos | | σ_a^2 | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | σ_{tr}^2 | h^2 | -2logL | χ^2 |
|-----------------------------|-----|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-----------------|-------|--------|----------|
| Geral | M 1 | 56 | 52 | 130 | 544 | 777 | 15 | 0,07 | 10.131 | 9** |
| | M 2 | 102 | 63 | 130 | 524 | 777 | | 0,13 | 10.140 | |
| RP-37 ^e RP-38 | M 1 | 27 | 40 | 126 | 551 | 765 | 17 | 0,04 | 83.641 | 8** |
| | M 2 | 87 | 61 | 126 | 523 | 766 | | 0,11 | 83.649 | |
| RP-37 ^e RP-39 | M 1 | 64 | 60 | 127 | 570 | 796 | 11 | 0,08 | 51.828 | 4* |
| | M 2 | 95 | 70 | 127 | 557 | 795 | | 0,12 | 51.832 | |
| RP-38 ^e RP-39 | M 1 | 86 | 70 | 127 | 516 | 780 | 16 | 0,11 | 67.830 | 7** |
| | M 2 | 140 | 81 | 127 | 492 | 780 | | 0,18 | 67.837 | |

*P<0,05; **P<0,01.

CONCLUSÕES

O peso à desmama dos animais Canchim nascidos nas três regiões homogêneas de produção, dentro do estado de São Paulo, pode ser considerado como características diferentes.

Existem evidências de interação genótipo x ambiente para peso à desmama de bovinos Canchim do estado de São Paulo, sugerindo a possibilidade de os animais selecionados como de mérito superior para uma região não o serem para as outras.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M. Estudo da interação touro x época de nascimento em um rebanho Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.14, p. 224-234, 1985.

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, MG, v.34, n.2, p. 489-495, 2005.

ARRUDA, Z.J.; SUGAI, Y. **Regionalização da Pecuária Bovina no Brasil**. Campo Grande: EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte, 1994. 144p.

BOLDMAN, K. G. et al. **Manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variance and covariance. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1993. 120p.

CAMERON, N.D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. Edinburgh, UK: CAB International, 1997. 202p.

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

CARVALHO, F.M.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. Genotype x region interaction for weight and scrotal circumference at weaning in Canchim cattle in Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, Submetido em 2007.

ELER, J.P. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.29, n.6, p. 1642-1648, 2000.

ESPASANDIN, A.C. **Estudos da interação genótipo x ambiente para peso à desmama em populações de raça Angus do Sul do Brasil e do Uruguai e suas implicações na avaliação genética internacional**. 2005. 74 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2005.

ESPASANDIN, A.C.; ALENCAR, M.M.; URIOSTE, J.I. Algumas implicações da interação genótipo x país nos resultados das avaliações genéticas da raça Angus do Brasil e do Uruguai. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia, **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. 1 CD ROM.

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

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Mapa de divisões territoriais**. Disponível em: <<http://mapas.ibge.gov.br/divisao/viewer.htm>>. Acesso em: jan. 2007.

MASCIOLI, A.S. et al. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando Inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.6, p. 2275-2284, 2006.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interações reprodutor x estação de nascimento e reprodutor x fazenda sobre características de crescimento de bezerros Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.17, n.2, p.120-131, 1988.

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

ROSA, A.N.; MARIANTE, A.S.; EUCLIDES FILHO, K. et al. Investigação sobre a interação: sexo da progênie x reprodutor, para algumas características quantitativas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 19., 1982, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1982. p.221.

SAS. **Statistical analysis systems user's guide**: Version 9.1. Cary: SAS Institute, 2003.

SOUZA, J.C. et al. Estimates of genetic parameters and evaluation of genotype x environment interaction for weaning weight in Nelore cattle. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.11, n.2, p.94-100, 2003.

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, MG, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos programas de avaliação genética de bovinos de corte são utilizados animais de rebanhos localizados em diferentes regiões do País e criados sob diferentes estratégias de manejo. Nesses programas, geralmente, não se leva em conta a existência de interação genótipo x ambiente, o que pode resultar na seleção de animais não adequados para determinada situação, caso genótipos superiores em determinado ambiente não apresentarem a mesma superioridade em outros ambientes. Nesse contexto, a escolha de um reprodutor deve considerar seu mérito genético no ambiente em que seus filhos serão criados. Se o mérito genético for alterado de acordo com o ambiente a classificação dos reprodutores também mudará e, conseqüentemente, a seleção pode ser incorreta.

A interação genótipo x ambiente também pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, podendo causar mudanças nas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de um ambiente para outro, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção.

Neste trabalho, foi avaliada a existência de interação genótipo x ambiente sobre o peso e o perímetro escrotal à desmama de bovinos da raça Canchim. Os resultados obtidos mediante o uso de diferentes metodologias, indicam a existência de interação genótipo x ambiente para essas características, para todos ambientes considerados, sejam eles delimitados por fronteiras políticas (regiões Sudeste e Centro-Oeste), ou pela união de fatores geográficos e de produção (regiões homogêneas de produção). Como conseqüência, o valor genético de um reprodutor pode não ser o mesmo em regiões diferentes, ou seja, animais geneticamente superiores em uma região podem não o ser em outras. Desse modo, sugere-se que essa interação seja considerada por ocasião da avaliação genética para essas características na raça, seja por meio de avaliações regionais ou de análises multi-caráter.

Considerando que a avaliação genética da raça Canchim é feita a partir de uma base de dados conjunta nacional, recomenda-se que seja feito estudo sobre a caracterização e definição de ambientes de criação a serem considerados nas avaliações, visando ao aprimoramento de todo o processo de seleção.