



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

Interação genótipo – ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim pertencentes a três níveis de produção no Brasil

Fábio Menezes de Carvalho¹, Luiz Otávio Campos da Silva², Maurício Mello de Alencar³

¹Estudante de doutorado no PPG-GEv na UFSCar, e-mail: ufscarfabio@yahoo.com.br, bolsista CAPES

²Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, e-mail: locs@cnpqc.embrapa.br, bolsista do CNPq

³Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, e-mail: mauricio@cnpse.embrapa.br, bolsista do CNPq

Resumo - O objetivo neste trabalho foi avaliar a existência de interação genótipo – ambiente para peso à desmama em 29.387 bovinos da raça Canchim nascidos entre 1988 e 2004. O nível de produção do grupo de contemporâneos dos animais, dividido em três classes (baixo, médio ou alto), foi considerado como ambiente, e foram utilizadas duas metodologias para avaliar a existência de interação. Na metodologia 1, foram estimados os componentes de variância e as herdabilidades do peso à desmama nos três níveis de produção (análises unicaráter), utilizando o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas. Foi também calculada a correlação de Spearman (posto) dos valores genéticos dos touros com no mínimo cinco filhos nos três níveis de produção. Na metodologia 2, foram feitas análises unicaráter utilizando-se dois modelos estatísticos, um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro – nível de produção, e a diferença entre os dois modelos foi verificada pelo teste de razão de verossimilhança. Os componentes de variância foram numericamente diferentes nos três níveis de produção, as correlações de posto dos valores genéticos dos touros nos três níveis de produção foram baixas e houve diferença entre os modelos, sugerindo a existência de interação genótipo – ambiente para peso à desmama nas populações estudadas.

Palavras-chave: bovinos de corte, níveis de produção, parâmetros genéticos, interação

Genotype – environment interaction for weaning weight of Canchim cattle of three production levels in Brazil

Abstract - The objective in this study was to evaluate genotype x environment interaction for weaning weight of Canchim cattle belonging to three production levels. Data on 29,387 animals born from 1988 to 2004 were used. The production level of the calf was divided in three classes (low, middle and high) to represent environment, and two methods were used to evaluate the interaction. In method 1, the variance components and heritabilities for weaning weight in the three production levels (univariate analyses) were estimated, using the derivative free restricted maximum likelihood method. The Spearman rank correlation of the breeding values of the sires with at least five offspring in all three production levels was also calculated. In method 2, one-trait analyses using two statistical models, one with and the other without the

uncorrelated sire – production level random effect were done, and the difference between them was tested by the likelihood ratio test. The variance components were different in the three production levels, the rank correlations of the sires in each pair of production levels were low, and the models with and without sire – production level 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, interaction

Introdução

O nível de produção de um sistema de produção animal é função do potencial genético da população utilizada, da qualidade do ambiente de criação e da interação entre esses fatores. No Brasil, uma grande diversidade climática, genética e ambiental (manejos sanitário, reprodutivo e alimentar), é encontrada em rebanhos da raça Canchim pertencentes a diversos níveis de produção.

Sabe-se que há elevado fluxo gênico entre os diversos níveis de produção. Caso exista interação entre os níveis de produção e os diferentes genótipos, é possível que essa interação seja um fator limitante para o aumento da produtividade nos sistemas de produção utilizados na exploração da raça.

O objetivo neste trabalho foi avaliar a importância da interação genótipo – ambiente sobre o peso à desmama de bovinos da raça Canchim classificados em três níveis de produção.

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-Genepplus. Foram utilizados dados de 29.387 animais nascidos entre 1988 e 2004, nas regiões Sudeste e Centro-oeste do Brasil. Os pesos à desmama foram padronizados para 220 dias de idade.

Para determinar o nível de produção ao qual o animal pertencia foi realizada análise dos dados pelo método da 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 das covariáveis idade da vaca (efeitos linear e quadrático) e idade do bezerro (efeito linear), além dos efeitos aleatórios aditivos direto e materno, de ambiente permanente e residual. O nível de produção dos animais foi definido de acordo com o grupo de contemporâneos ao qual eles pertenciam e esses foram divididos em três classes de acordo com a estimativa de seu efeito, a saber: baixa produção (P1), média produção (P2) e alta produção (P3), conforme apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Estatística descritiva e estrutura dos dados de peso à desmama (PD) de animais da raça Canchim, de acordo com o nível de produção baixo (P1), médio (P2) e alto (P3), e para o arquivo geral (PG)

Item ^a	P1	P2	P3	PG
Núm. de observações	9.803	9.794	9.790	29.387
Intervalo do efeito fixo	-108 a -10,7	-10,8 a 11,5	11,5 a 125	-108 a 125
GC	1.265	1.198	1.461	3.924
Média de PD (kg)	175	204	235	204
Desvio padrão de PD (kg)	29,8	27,6	32,2	38,7
CV de PD (%)	17,0	13,5	13,7	18,9

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

Para avaliar a existência de interação, foram utilizados dois métodos, descritos a seguir. No método 1, foram estimados componentes de variância e as herdabilidades direta e materna, do peso à desmama, nos três níveis de produção, por meio de análises unicaráter. Utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, com o mesmo modelo estatístico usado para definir os níveis de produção. Além das análises unicaráter referentes a cada nível de produção, também foi feita análise do arquivo geral (união dos três níveis de produção), utilizando-se o mesmo modelo.

Touros com pelo menos cinco filhos em cada nível de produção foram classificados em ordem decrescente de valores genéticos dentro de cada nível e no arquivo geral, para cálculo das correlações de Spearman entre suas classificações. A existência de interação genótipo – ambiente foi avaliada pelo valor da correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros nos três níveis de produção e no arquivo geral, avaliados dois a dois. De acordo com Robertson (1959), correlações genéticas abaixo de 0,80 indicam a existência de interação genótipo – ambiente.

Na metodologia 2, foram feitas análises unicaráter, utilizando-se o arquivo geral, e dois modelos idênticos ao anterior, sendo um com e outro sem o efeito aleatório não correlacionado de touro – nível de produção. Diferença significativa entre os dois modelos, pelo teste de razão de verossimilhança, indica a existência de interação genótipo – ambiente.

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1993).

Resultados e Discussão

Os componentes de variância do peso à desmama por nível de produção, obtidos pelos métodos 1 e 2, são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 – 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 – nível de produção (σ_{tp}^2) e herdabilidade direta, obtidos em análises sem (M1) e com (M2) o efeito não correlacionado de touro – nível de produção para o peso à desmama de bovinos Canchim pertencentes às classes de nível baixo (P1), médio (P2) e alto (P3) de produção e arquivo geral (PG)

Arquivos		σ_a^2	σ_m^2	σ_c^2	σ_e^2	σ_p^2	σ_{tp}^2	h^2
PG	M1	105	64	112	512	751	-	0,14±0,02
	M2	93	59	112	516	751	5	0,12±0,02
P1	M1	92	71	104	487	699	-	0,13±0,03
P2	M1	104	60	114	520	750	-	0,14±0,03
P3	M1	151	46	145	496	798	-	0,19±0,04

*P<0,05.

Observam-se (Tabela 2) alterações nas variâncias em relação aos níveis de produção. As estimativas das variâncias genética aditiva direta, de ambiente permanente e fenotípica total na P3 foram 45,2%; 27,2% e 6,4% maiores quando comparadas à P2, respectivamente, e 64,1%; 39,4% e 14,2% maiores quando comparadas à P1, respectivamente. Verifica-se na Tabela 1 que o nível de produção com maiores média e desvio padrão também é a P3.

As correlações de Spearman dos valores genéticos dos 152 touros com no mínimo cinco filhos em cada nível de produção, foram iguais a 0,37; 0,39 e 0,37 entre

os níveis P1 e P2, P2 e P3, e P1 e P3, respectivamente. As correlações de Pearson entre os valores genéticos dos touros variaram de 0,43 a 0,46.

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 um nível para outro e que os valores genéticos dos animais, comparados em dois níveis são diferentes. Neste caso, dos dez touros melhores classificados no nível P1, apenas quatro e cinco estão entre os dez primeiros colocados nos níveis P2 e P3, respectivamente, e dos dez melhores no nível P2, quatro estão entre os dez melhores no nível P3. Como houve mudanças na classificação dos touros e variação entre os valores genéticos do mesmo touro em níveis de produção diferentes, há indícios de interação genótipo – ambiente para peso à desmama, nas populações estudadas.

Também foram realizadas análises de correlação entre os três níveis de produção e o arquivo geral. As correlações de Spearman entre os valores genéticos dos touros obtidos nos três níveis de produção e os valores genéticos obtidos pelo arquivo geral (PG) foram iguais a 0,69; 0,76; e 0,71 para PG e P1, PG e P2, e PG e P3, respectivamente. As correlações de Pearson entre os valores genéticos dos touros variaram de 0,71 a 0,79.

No Método 2, a diferença entre o modelo sem o efeito não correlacionado de touro – nível de produção (modelo1) e o modelo com o efeito não correlacionado de touro – nível de produção (modelo2), verificada pelo teste de χ^2 com um grau de liberdade foi significativa para o arquivo geral ($P < 0,05$), indicando que o efeito não correlacionado de touro – nível de produção foi importante, evidenciando a existência de interação genótipo – ambiente. No Brasil, outros autores também reportaram resultados semelhantes. 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 – ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim pertencentes aos três níveis de produção estudados.

Conclusões

Existem evidências de interação genótipo – ambiente para peso à desmama em bovinos da raça Canchim no Brasil, portanto, cada nível de produção deve utilizar reprodutores apropriados.

Literatura Citada

- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- 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.
- 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.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.