

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO–AMBIENTE PARA PESO AO
SOBREANO NA RAÇA CANCHIM**

Maira Mattar

Zootecnista

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Janeiro de 2009

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO–AMBIENTE PARA PESO AO
SOBREANO NA RAÇA CANCHIM**

Maira Mattar

Orientador: Prof. Dr. Maurício Mello de Alencar

Co-orientador: Dr. Fernando Flores Cardoso

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

unesp



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



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

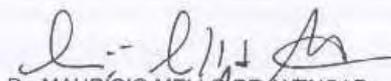
TÍTULO: INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE PARA PESO AO SOBREANO NA RAÇA CANCHIM

AUTORA: MAIRA MATTAR

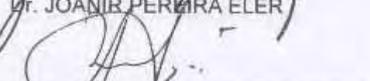
ORIENTADOR: Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

Co-Orientador(a): Dr. FERNANDO FLORES CARDOSO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR em ZOOTECNIA pela Comissão Examinadora:


Dr. MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR

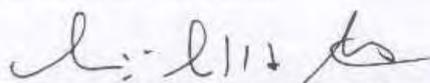

Dr. JOAQUIR PEREIRA ELER


Dr. ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS


Dra. SANDRA AIDAR DE QUEIROZ


Dr. JOÃO ADEMIR DE OLIVEIRA

Data da realização: 29 de janeiro de 2009.



Presidente da Comissão Examinadora
Dr. MAURICIO MELLO DE ALENCAR

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

MAIRA MATTAR – nasceu em Araraquara-SP, em 1976. Formou-se em Zootecnia no ano de 2002, pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Campus de Jaboticabal. Pela mesma instituição em 2005, obteve o título de Mestre pelo programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal e iniciou o curso de doutorado pelo programa de Pós-Graduação em Zootecnia, seguindo sempre a linha de pesquisa na área de Melhoramento Genético Animal. Em 2008, foi aprovada no concurso para docente do curso de graduação em Zootecnia, no Centro Universitário da Fundação Educacional de Barretos – UNIFEB, onde leciona atualmente.

“Quando todos pensam do mesmo modo, então ninguém está pensando.”
(Walter Lippmann)

Ofereço

“Ao senhor Deus, que me concedeu a vida, me apresentou às oportunidades e permitiu-me o uso das ferramentas que Ele disponibilizou para a ciência.”

Dedico

Às meus pais Feiz Mattar e Magali A. de Castro Mattar por terem proporcionado o meu preparo emocional e intelectual, dando-me oportunidade de encontrar a sorte.

Às meus irmãos Paulo Rogério Mattar e Daniela Mattar Mori por terem me incentivado, através do sentimento de orgulho emanado pelas minhas conquistas.

Às meus cunhados Lenita O. Mattar e Alexandre F. Mori por torcerem pela minha vitória com a intensidade de irmãos.

Às minhas sobrinhas Laura O. Mattar e Rafaela Mattar Mori e, ao meu afilhado(a) ainda em desenvolvimento, por serem a continuação do amor na família, fortalecendo nossos laços e encantando nossas vidas.

Ào Fabio O, Mobile, por me dar lições de serenidade, me incentivar despercebidamente, se disponibilizar sem intenções, me relaxar e divertir como criança e, acima de tudo por ser o meu encontro com o amor.

Obrigada a todos vocês amores da minha vida!

Agradecimentos

Ao meu orientador Dr. Maurício Mello de Alencar por transmitir ensinamentos, equilíbrio e confiança para eu me tornar independente.

Ao Dr. Fernando Flores Cardoso, pela disponibilidade e paciência em ensinar, mesmo à distância.

Aos criadores da raça Canchim pelo trabalho valioso de coleta de dados e à Associação Brasileira de Criadores de Canchim, por disponibilizá-los.

Aos membros da banca de qualificação que colaboraram pela melhoria e aperfeiçoamento deste trabalho.

Ao grupo de estudo Intergen, que reuniu pesquisadores da Embrapa, docentes e alunos de diferentes instituições do país e exterior, para o propósito de estudar e transferir conhecimento sobre a interação genótipo-ambiente em bovinos de diversas raças.

À Dra. Ana Carolina Espasandin pela constante gentileza de estar à disposição frente às minhas questões.

Ao professor Dr. Antonio Sérgio Ferrando por colaborar de forma direta com parte deste trabalho, cedendo seus conhecimentos e compartilhando seus bons ensinamentos morais e intelectuais.

Aos professores da Unesp – Jaboticabal, essenciais pelo meu aperfeiçoamento durante meus 11 anos de instituição.

Aos colegas de pós-graduação que chegaram e se foram, mas que fizeram parte de minha história e dividiram responsabilidades, crescimento, dúvidas, aprendizado e conquistas.

Aos senhores coordenador Márcio Martins Ferreira e vice-coordenadora Lizandra Amoroso, do Centro Universitário da Fundação Educacional de Barretos, por valorizarem meus estudos e meus esforços durante o doutorado e me proporcionarem alcançar o maior objetivo de uma carreira acadêmica: aprender, ensinar e reaprender.

À Ana Paula Fernandes, amiga e companheira de casa, pelo respeito durante nossa convivência, por sentar comigo na sacada nos minutos de descanso e pelos brigadeiros que adoçaram meus dias.

Aos amigos Paula Abi Rached, Cristina Gost, Juliana Jeremias, Ângela Camargo, Luciano Ferreira e Márcio Brunello, que não podem ser citados separadamente, pois a cada presença mais feliz me fizeram.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (Capes) pela bolsa cedida.

À todos que se entusiasmaram, se surpreenderam e sorriram para meus estudos ...muito obrigada!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	iii
SUMMARY.....	v
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
Revisão de Literatura	1
Interação Genótipo-Ambiente	2
Metodologias para o Estudo da Interação Genótipo-Ambiente	4
Modelos de Regressão Aleatória e Funções de Covariância	6
Normas de Reação	8
Sensibilidade Ambiental	10
Metodologias para Estudo da Diversidade Ambiental	11
Análise de Agrupamento	12
Análise de Componentes Principais	13
Objetivos	14
Referências	15
CAPÍTULO 2 – CARACTERIZAÇÃO DE GRUPOS CLIMÁTICOS DE MUNICÍPIOS DO ESTADO DE SÃO PAULO COM PRODUÇÃO DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM	24
Resumo	24
Introdução	26
Material e Métodos	27
Resultado e Discussão	31
Análise de Agrupamento	31
Componentes Principais	34
Conclusões	39
Referências	40

CAPÍTULO 3 – INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE PARA O PESO AO SOBREANO DE BOVINOS CANCHIM EM REGIÕES DO BRASIL E GRUPOS CLIMÁTICOS DE MUNICÍPIOS DO ESTADO DE SÃO PAULO	41
Resumo	41
Introdução	43
Material e Métodos	44
Resultados e Discussão	50
Conclusões	61
Referências	62
CAPÍTULO 4 – INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE PARA PESO AO SOBREANO DE BOVINOS CANCHIM POR MEIO DE NORMAS DE REAÇÃO	65
Resumo	65
Introdução	67
Material e Métodos	68
Resultados e Discussão	75
Conclusões	85
Referências	86
CAPÍTULO 5 – IMPLICAÇÕES	89

INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE PARA PESO AO SOBREANO NA RAÇA CANCHIM

RESUMO – A presença de interação genótipo-ambiente é caracterizada pela resposta diferente de genótipos às variações ambientais, e pode ocasionar alteração na classificação de desempenho dos genótipos em diferentes ambientes. Assim é de fundamental importância sua investigação para se obter maior precisão na seleção dos animais. O objetivo deste estudo foi investigar a presença de interação genótipo-ambiente para peso ao sobreano em bovinos da raça Canchim criados no Brasil no período de 1989 a 2000. As metodologias utilizadas foram: 1-comparação de dois modelos: com e sem o efeito não correlacionado touro-ambiente; 2-correlação genética entre o peso ao sobreano em diferentes ambientes; 3-correlação de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos animais obtidos nos diferentes ambientes, em análises uni e multivariadas; e 4-normas de reação dos animais sobre um gradiente ambiental, obtidas por regressão aleatória. Os ambientes estudados nas metodologias 1, 2 e 3 foram quatro regiões do Brasil (1-Paraná, 2-São Paulo, 3-Minas Gerais e 4-Mato Grosso e Mato Grosso do Sul) e três grupos de municípios do Estado de São Paulo, formados por técnica estatística multivariada para definir grupos de ambientes por meio de variáveis climáticas. Para a metodologia 4, o gradiente ambiental foi obtido por meio das soluções de grupo de contemporâneos. Os modelos utilizados nos métodos 1, 2 e 3 incluíram efeitos fixos de grupo de contemporâneos e de idade ao sobreano como covariável, e os efeitos aleatórios aditivos diretos e residuais. Para o método 4, o modelo incluiu o efeito fixo de idade ao sobreano como covariável, os efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos e efeitos genéticos aditivo do intercepto e da inclinação da norma de reação. Os resultados indicaram diferenças nos modelos comparados (com e sem o efeito touro-ambiente), baixas correlações genéticas (0,07 a 0,51) entre o peso ao sobreano nos diferentes ambientes, reordenamento dos animais nos ambientes e a constatação do efeito de escala nas normas de reação, e também diferenças nas estimativas das variâncias genéticas, ambientais e das herdabilidade

(0,08 a 0,68). Estes resultados sugerem a existência de interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano, nos ambientes estudados.

Palavras-Chave: análise multivariada, bovinos de corte, correlação genética, normas de reação, peso ao sobreano

GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION FOR POST-YEARLING WEIGHT IN CANCHIM CATTLE

SUMMARY – The genotype-environment interaction presence is characterized by different answers of genotypes to ambient variations, and can cause changes in the classification of the genotypes performances in different environments. The objective in this study was to investigate the presence of genotype – environment interaction for post-yearling weight of Canchim cattle raised in Brazil in the period of 1989 to 2000. The methodologies used were: 1-comparison of two models: with and without the uncorrelated sire–environment effect; 2-genetic correlation between post-yearling weight in different environments; 3- Pearson’s and Spearman’s correlations between animal’s breeding values in different environments in one and multitrait analyses; and 4- reaction norms of animals on environmental gradient obtained by random regression. The environments investigated in methods 1, 2 and 3 were four regions of Brazil (1-State of Paraná, 2- State of São Paulo, 3- State of Minas Gerais, and 4- States of Mato Grosso and Mato Grosso do Sul) and three city clusters of the State of São Paulo, formed by multivariate methods to define homogeneous environments of production through climatic variables. For method 4 the environmental gradient was obtained through solutions of contemporary groups. The models used in methods 1, 2 and 3 included fixed effects and random additive direct and residual effects. The model for method 4 included the fixed effect of post-yearling age as covariate, the random effect of contemporary group, and the random additive genetic effects of intercept and inclination of the reaction norms. The results indicated that differences in the models compared (with and without sire–environment effect), low genetic correlations (0.07 to 0.51) among post-yearling weight in different environments, reclassification of the animals in environments, a scale effect in reaction norms, and also differences in genetic and residual variances and heritability estimates. These results suggest the existence of genotype–environment interaction for post-yearling weight, for the environments studied.

Keywords: beef cattle, genetic correlation, multivariate analyses, post-yearling weight, reaction norms

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

Em bovinos de corte, o crescimento corporal rápido contribui com maiores lucros na atividade. Por isso, o peso em diferentes idades é um critério primário quando se faz seleção de bovinos, pois expressa o potencial de crescimento do animal em diferentes fases de sua vida, tornando-o uma característica de importância econômica.

Nas características relevantes economicamente, as variações entre animais são de causas genéticas, e também do ambiente em que foram expostos. Dessa forma, nas avaliações genéticas, determina-se a importância relativa desses componentes genéticos e ambientais que causam tal variabilidade, para desvendar a hereditariedade de características em populações e isolar os efeitos ambientais.

No entanto, nos métodos estatísticos de avaliação pode-se admitir a mesma variância ambiental entre grupos de genótipos comparados e também admitir que diferenças específicas de ambiente tenham o mesmo efeito sobre os genótipos, desconsiderando o componente de variação de interação genótipo–ambiente, que pode ser responsável por parte da variação fenotípica.

No Brasil, em razão da grande diversidade de ambientes de produção de bovinos de corte, é de essencial importância investigar a presença do componente de interação genótipo–ambiente no desempenho de animais, visando incluir esta variação nas avaliações genéticas, se confirmada sua presença, para contribuir para o aumento da acurácia de predição e melhorar a eficiência dos programas de seleção.

Revisão de Literatura

Interação Genótipo–Ambiente

A presença de interação genótipo–ambiente (IGA) caracteriza-se pela resposta diferente de genótipos às variações ambientais (FALCONER & MACKAY, 1996). O

ambiente não modifica a constituição genética do indivíduo, e sim determina a extensão com a qual o genótipo será expresso, por isso há a possibilidade de que o melhor genótipo em um ambiente não o seja em outro (WARWICK & LEGATES, 1980; CRUZ & REGAZZI, 1994). Além da alteração no reordenamento de desempenho dos animais nos diferentes ambientes, a interação genótipo–ambiente pode causar mudanças na magnitude absoluta ou relativa das variâncias genéticas, de ambiente e fenotípicas (FERREIRA et al., 2001; ALENCAR et al., 2005), implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (HENDERSON, 1984).

O ambiente, no conceito da IGA, pode ser descrito por um ou mais elementos que influenciam o desempenho de um indivíduo. Dependendo do estudo, se o ambiente de interesse não for de um fator específico, pode-se usar um fator que indique um ambiente complexo e que influencia a população estudada, tal como, características do rebanho (KOMOLDIN, 2003).

Os esquemas da Figura 1 ilustram a expressão de dois genótipos (G1 e G2) em dois ambientes (1 e 2).

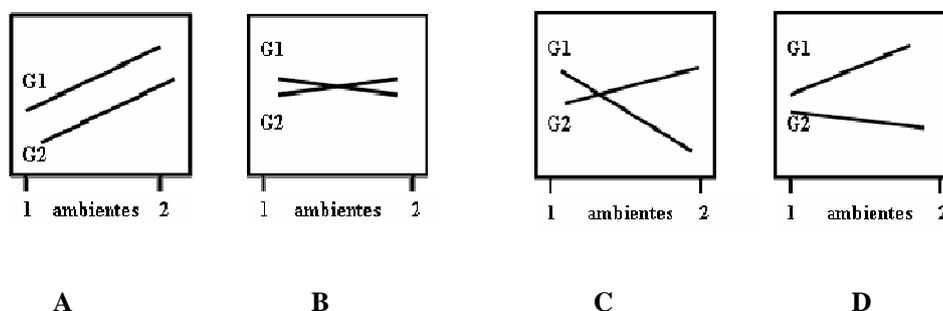


Figura 1. Esquemas da presença ou ausência da interação genótipo-ambiente.

No esquema “A” não há interação genótipo–ambiente, pois não ocorre alteração significativa nas variações entre os desempenhos dos genótipos. Já em B, mesmo com a alteração da classificação dos genótipos, a presença de interação genótipo–ambiente pode não ser caracterizada ou ser denominada fraca, pois a variação entre os desempenhos é muito pequena. Em “C” e “D” há ocorrência de interação

genótipo–ambiente observada pela modificação da posição dos genótipos e pela alteração significativa das variâncias nos diferentes ambientes.

A simples constatação da presença da IGA não informa a magnitude da interferência ambiental na expressão do genótipo, e quanto do melhoramento feito em um ambiente será transferido para outro ambiente (FALCONER & MACKAY, 1996). Assim, a escolha do ambiente onde se deve praticar a seleção dos animais de reprodução, tendo em vista o local em que deverão viver e procriar, tornou-se uma importante consideração a ser feita sobre a produção econômica dos animais domésticos (NOBRE et al., 1987). Alguns pesquisadores afirmam que é melhor praticar a seleção de animais em ambientes superiores para que possam expressar todo seu potencial genético (FERREIRA et al., 2001), enquanto outros sugerem que a seleção dos futuros reprodutores seja feita em condições ambientais semelhantes às que suas progêneses serão submetidas (LUSH, 1964).

Existe a dificuldade no Brasil de expor as progêneses a ambientes semelhantes aos dos reprodutores, uma vez que o País possui grande diversidade de sistemas de produção de gado bovino, em razão de diferenças históricas, culturais, ambientais e de recursos naturais (TORAL et al., 2004), desta maneira, podem ocorrer grandes divergências ambientais em locais próximos. SIMONELLI et. al. (2004) estudaram a presença de IGA para pesos à desmama, ao ano e ao sobreano de bovinos em diferentes regiões do Brasil e verificaram que a adaptação dos animais foi diferente nos ambientes. Já FERREIRA et al. (2001) também encontraram efeito de IGA sobre característica de crescimento em bovinos, sugerindo uma avaliação regional para a escolha de reprodutores.

Apesar da importância ressaltada na literatura da existência da IGA, a incorporação deste componente de variação nas avaliações genéticas não é uma realidade no melhoramento de bovinos de corte. Segundo REIS & LÔBO (1991), a existência teórica de interação genótipo–ambiente é clara, mas com pouca significância dada nas avaliações, visto que este é um dos poucos fatores que não são incluídos nas avaliações genéticas atuais.

Metodologias para o Estudo da Interação Genótipo–Ambiente

A constatação da presença da interação genótipo–ambiente (IGA) para uma determinada característica em bovinos de corte pode ser verificada por meio de diferentes metodologias descritas na literatura, algumas abordadas a seguir.

A comparação de modelos é largamente utilizada para avaliar a significância do efeito não correlacionado genótipo–ambiente no modelo de análise, por meio do teste de Razão de Verossimilhança (FREUND & WAPOLE, 1980). Segundo a descrição de COSTA (2005), o teste (λ), define a razão entre o máximo da função de verossimilhança sob o modelo reduzido (L_R), ou seja, sem o efeito não correlacionado, e o máximo da função de verossimilhança sob o modelo completo (L_C), este com o efeito não correlacionado. A partir da distribuição $-2 \log$ da razão de verossimilhança pode-se avaliar a significância deste efeito no modelo, em que esta distribuição pode ser obtida por: $(-2 \log L_R) - (-2 \log L_C)$, usando o programa MTDFREML (BOLDMAN et al, 1993).

Dessa forma, quando $-2 \log \lambda \geq \chi^2_{\alpha,1}$, em que α é o nível de significância e 1gl, pode-se afirmar que o efeito testado foi significativo a este nível, e o componente de variação de interação genótipo–ambiente deve ser incluído no modelo. O valor $\chi^2_{\alpha,1}$ é obtido em uma tabela da distribuição qui-quadrado, com 1 grau de liberdade, com a área à direita de $\chi^2_{\alpha,1}$.

Esta metodologia foi utilizada para estudos da IGA por ELER et al. (2000), FERREIRA et al. (2001), ALENCAR et al. (2005), ESPASANDIN (2005) e SIROL et al. (2005), entre outros.

A metodologia que estima os valores dos coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman, em estudos de interação genótipo–ambiente, como dos autores ALENCAR et al. (2005) e TORAL et al. (2004), indica, respectivamente, a influência dos ambientes sobre as estimativas dos valores genéticos dos animais e as mudanças nas classificações dos animais com base nessas estimativas nos diferentes ambientes.

Estes estimadores são bastante utilizados nos estudos de IGA, como o apresentado por CARVALHO (2007) que encontrou alto coeficiente de correlação de postos de Spearman para peso a desmama de bovinos Canchim entre as regiões sudeste e centro-oeste do Brasil, indicando que os melhores touros classificados em uma região também tiveram posição semelhante em outra região.

A abordagem que utiliza a correlação genética entre a mesma característica em diferentes ambientes para estudo da IGA é uma analogia do modelo multirátter, por exemplo, do peso em duas idades diferentes, e também do modelo Interbull, em que as produções de leite em países diferentes são tratadas como características geneticamente correlacionadas (DE JONG & BIJMA, 2002). Neste modelo é analisada a correlação genética de uma característica em diferentes ambientes.

Este método foi sugerido primeiramente por FALCONER (1952), que relatou que uma determinada característica medida em ambientes diferentes pode ser interpretada como sendo características diferentes, pois os genes que a controlam em determinado ambiente podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro ambiente. Assim, alta correlação genética indica que o desempenho em dois ambientes representa a ação do mesmo grupo de genes e, ao contrário, baixa correlação genética indica que a atuação será de um grupo de genes diferentes.

ROBERTSON (1959), em estudo que avaliou a hereditariedade entre características, sugeriu que correlação genética abaixo de 0,80 seria indício da existência de interação genótipo–ambiente. Esta sugestão tem sido acatada no uso da correlação genética para estudo da interação genótipo–ambiente, e pode ser encontrada nos estudos de SOUZA et al. (1997), TORAL et al. (2004), ALENCAR et al. (2005), ESPASANDIN (2005), FALCÃO et al. (2006), MASCIOLI et al. (2006), entre outros. No entanto, a IGA pode ser caracterizada mesmo após ser encontrado valor alto de correlação genética, pois a presença de IGA pode ser sugerida por haver diferenças nas variações das variâncias aditivas, residuais e de herdabilidade entre os ambientes, como apresentado no trabalho de ALENCAR et al. (2005) e argumentado por HENDERSON (1984).

Segundo VALENTE et. al. (2008), apesar do modelo multicaráter ser muito empregado, este faz abordagem descontínua (em pontos) de uma característica que se modifica continuamente, o que pode comprometer a acurácia de avaliação e o resultado da seleção. Além disso, o modelo multicaráter não assume qualquer estrutura de covariância entre as medidas (ALBUQUERQUE, 2004), o que pode ser obtido através de modelos de regressão aleatória.

Modelos de Regressão Aleatória e Funções de Covariância

Os modelos de regressão aleatória (MRA) são muito utilizados para modelar características que possuem medidas repetidas, denominadas de características repetidas ou dados longitudinais (SCHAEFFER & DEKKERS, 1994). Nos MRA, os valores genéticos de um indivíduo podem ser estimados para qualquer ponto de uma curva na escala de tempo ou espaço de uma determinada característica que se repete. Segundo ALBUQUERQUE (2004), para ajustar uma trajetória aleatória para cada indivíduo, leva-se em conta a tendência média da população ajustada por uma regressão fixa, e as equações de regressão aleatória para os efeitos genéticos aditivos (que modelam o desvio genético da regressão fixa) e às vezes do efeito de ambiente permanente do modelo. Assim, pelos desvios da curva média é possível obter a curva genética de cada animal e os respectivos valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos.

Estudos por meio de MRA a respeito da trajetória genética de crescimento ou produção de bovinos vêm sendo realizados a partir de JAMROZIK & SCHAEFFER (1997) e JAMROZIK et al. (1997a), seguidos dos estudos de ALBUQUERQUE & MEYER, 2001, CALUS & VEERKAMP (2003), MEYER (2003), HASSEN et al. (2003), ARANGO et al. (2004), SCHENKEL et al. (2004), ARAUJO et al. (2006), DIONELLO et al. (2006), entre outros.

NOBRE et al. (2003) e QUEIROZ et al. (2004) utilizaram modelos de regressão aleatória e modelos multicaráter e unicaráter, respectivamente, para características de

crescimento em bovinos. Os primeiros autores concluíram que os MRA indicaram aumento na acurácia da avaliação genética quando comparados ao modelo multicaráter, já os últimos autores, concluíram que mudanças na classificação dos genótipos foram verificadas por meio de correlação entre os valores genéticos preditos nos MRA e unicaráter.

Os MRA são apontados como os mais adequados para modelagem de pesos, pois consideram a modificação contínua do fenótipo e de todos os efeitos fixos e aleatórios que o compõem em função do tempo ou espaço. Segundo ROBBINS et al. (2005), como nos MRA os dados não necessitam de ajustes, a qualidade destes é preservada e evita-se a eliminação das informações, como por exemplo, medidas coletadas em idades distantes das definidas como padrão, e também, os MRA possibilitam a obtenção de estruturas de (co)variância entre diferentes medidas por meio de funções de covariância (FC) para os efeitos aleatórios (EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003).

As FC foram propostas por KIRKPATRICK et al. (1990) para dados longitudinais, pois segundo os autores, características que se alteram em função do tempo, tais como, o crescimento e a produção de leite, ou que se alteram sobre um gradiente ambiental, podem ser representadas por uma trajetória. Estas características foram denominadas de características de dimensão infinita por permitirem infinitos valores possíveis ao longo destas trajetórias e por estes valores serem considerados como características diferentes.

As FC são equivalentes à matriz de covariância dos modelos multicaráter, dessa forma, podem-se obter as FC pelas matrizes de variância e covariância destes modelos, ou a partir das matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão estimados pelos MRA (MEYER, 1998). Os MRA que utilizam as FC permitem incluir uma função aninhada dentro de um efeito aleatório e permite que os componentes de variação mudem ao longo de uma trajetória. No caso de avaliações genéticas de animais, a função é aninhada dentro dos indivíduos, modelando desvios individuais de uma regressão fixa da característica na variável explanatória (JAMROZIK et al., 1997b). Além da modelagem dos efeitos aleatórios por meio de funções polinomiais lineares (EL

FARO & ALBUQUERQUE, 2003), os MRA que utilizam as FC também consideram a heterogeneidade de variâncias residuais em cada ambiente. Desta forma, o MRA vem sendo utilizado nos estudos de interação genótipo–ambiente por meio de modelo normas de reação que assumem a característica estudada de forma contínua em um gradiente ambiental.

Normas de Reação

A norma de reação (NR) descreve o fenótipo de um animal como uma função contínua do ambiente (WOLTERECK, 1909 e LYNCH & WALSH, 1998, citados por KOMOLDIN, 2003) e expressa o fenótipo como uma função polinomial do valor ambiental, em que os coeficientes polinomiais são assumidos para estar sob influência genética (DE JONG, 1995). Dessa forma, o modelo norma de reação (MNR) descreve características que mudam gradualmente e continuamente sobre um gradiente ambiental, assim, pode ser utilizado para o estudo da interação genótipo–ambiente (IGA).

A NR é estimada por uma regressão fixa dos valores médios fenotípicos da população em cada ambiente sobre o gradiente ambiental, a partir da qual a NR individual pode ser predita pela regressão aleatória dos valores fenotípicos de animais relatados no gradiente ambiental, supondo que o mesmo indivíduo não pôde ser medido em muitos ambientes. As estimativas que resultam da análise de regressão aleatória são os valores genéticos dos animais para os coeficientes da função que descreve a NR e, além disso, as covariâncias daqueles coeficientes são estimadas (KOMOLDIN, 2003). Assim, os coeficientes podem ser usados para construir valores genéticos de animais para o desempenho em um gradiente ambiental.

Isto é possível por meio de funções de covariância obtidas via modelos de regressão aleatória por meio das quais se pode determinar a NR dos animais a variações gradativas no ambiente de produção e, assim, pode-se identificar os

genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental (CARDOSO et al., 2005).

Os gradientes ambientais podem ser variáveis como a temperatura, latitude, regime alimentar ou, então, medidas mais complexas que podem ser quantificadas por um desempenho médio de todos os genótipos em cada ambiente (KOMOLDIN, 2003), tais como os apresentados por PÉGOLO (2005) e CARDOSO et al. (2005). Em bovinos, no entanto, este desempenho genotípico médio é geralmente desconhecido. Desta forma, faz-se uma aproximação deste valor considerando o desempenho fenotípico médio de cada ambiente, para, então, tratar estas estimativas como covariáveis conhecidas no modelo, tal qual reportado por KARAN et al. (1999), RAVAGNOLO & MISZTAL (2000) e KINGSOLVER et al. (2004), citados por SU et al. (2006). Por esta metodologia, o gradiente ambiental ou valor ambiental pode ser estimado por meio de um modelo animal padrão a partir dos desvios de grupo de contemporâneos, como atribuído por KOMOLDIN et al (2002), CALUS & VEERKAMP (2003) e CARDOSO et al. (2005).

SU et al. (2006) propuseram uma metodologia para estimar simultaneamente o gradiente ambiental e a norma de reação, ou seja, não sendo necessário utilizar os resultados dos efeitos ambientais de uma análise prévia. Assim, a covariável é considerada desconhecida no modelo proposto e as soluções para este efeito são usadas como covariáveis para obter a norma de reação. Os autores propuseram este método, pois atentaram ao fato de que tratar as médias fenotípicas como parâmetros conhecidos poderia causar incerteza nas estimativas, devido ao valor genético ser definido em função do gradiente ambiental. Sendo assim, esta metodologia minimiza possíveis inferências inapropriadas sobre os valores ambientais, evitando a classificação incorreta baseada nos valores genéticos preditos.

A vantagem do modelo normas de reação (MNR) em descrever as características para todos os pontos diferentes em tempo ou espaço (KIKPATRICK & HECKMAN, 1989), ou seja, de forma contínua no gradiente ambiental, confere superioridade computacional, pois com muitas observações poucos parâmetros precisam ser estimados (MEYER & HILL, 1997). Com este benefício a predição da resposta à

seleção é mais acurada, devido aos componentes de variâncias serem estimados também com mais confiança e pelas respostas diretas e correlacionadas de todos os pontos ao longo da trajetória (KOMOLDIN, 2003). Ainda, com o uso de modelo hierárquico (MH) é possível levar em conta a correlação entre as observações decorrentes da estrutura hierárquica (registros conectados entre si por meio de ligações genéticas), assim, no MH é incluído um parâmetro aleatório que modifica o intercepto, aumentando ou subtraindo-o, sendo este modelo de intercepto aleatório, utilizado no modelo normas de reação.

Sensibilidade Ambiental

Como a metodologia que utiliza a norma de reação para o estudo da IGA supõe que o ambiente seja classificado sobre qualquer escala e também que as características possuam continuidade fisiológica sobre o ambiente (DE JONG & BIJMA, 2002), ela permite distinguir a capacidade dos genótipos em serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais. Esta susceptibilidade dos genótipos ao ambiente é denominada de sensibilidade ambiental (SA) ou plasticidade fenotípica (BRADSHAW, 1995; DE JONG & BIJMA, 2002). Segundo FALCONER (1990), a SA é definida como a extensão das modificações no fenótipo causada pelos distintos ambientes, e pode ter uma maior ou menor expressão, sendo os indivíduos de maior sensibilidade denominados genótipos plásticos e os de menor sensibilidade, genótipos robustos. Dessa forma, a interação genótipo–ambiente pode ser denominada como diferenças na sensibilidade ambiental entre os indivíduos (KOMOLDIN, 2003).

A sensibilidade ambiental das populações pode ser alterada por seleção, de forma que, se praticada seleção de uma característica para robustez, ou seja, selecionar animais com desempenho semelhante em todos os ambientes, junto a um programa de melhoramento tradicional, pode-se alcançar maior adaptabilidade genética dos animais, sendo estes mais uniformes em suas produções independente do ambiente. Segundo CECCARELLI (1994), em sistema de produção onde o ambiente é

imprevisível e não pode ser controlado, a estabilidade no desempenho é importante. Por outro lado, genótipos plásticos podem responder mais a ambientes favoráveis, o que conferiria aumento na média da população se os indivíduos fossem expostos à melhores ambientes, porém, os genótipos plásticos são também mais afetados de forma negativa, em ambientes ruins.

SIMONELLI et al. (2004) atentaram para a correta interpretação da sensibilidade ambiental, pois nas avaliações genéticas pode haver tendência em indicar como superiores os genótipos cuja capacidade adaptativa fosse mais estável, o que não significa, necessariamente, que tais genótipos sejam superiores em todos os ambientes.

No Brasil, resultados recentes de estudos da sensibilidade ambiental de bovinos, por meio das normas de reação dos indivíduos nos ambientes, vêm sendo apresentados, tais como os de PÉGOLO (2005) para a raça Nelore, CARDOSO et al. (2005) e CARDOSO et al. (2007) para a raça Angus e CORRÊA (2007) para raça Devon, MATTAR et al. (2007) para a raça Canchim, entre outros. Estes estudos permitem identificar rebanhos que possuam variabilidade para sensibilidade ambiental e, por conseguinte, poder incluir estas variações adaptativas em índices de seleção com o objetivo de uniformizar desempenhos em ambientes distintos ou privilegiar genótipos que respondam às melhorias ambientais de determinada característica.

Metodologias para Estudo da Diversidade Ambiental

Em virtude da diversidade ambiental existente entre regiões, Estados ou até mesmo entre locais próximos do Brasil, e frente às atuais metodologias para a investigação da interação genótipo–ambiente, é necessário o uso de boas práticas para definir ambientes de produção para a aplicação em estudos da IGA.

Apesar da consciência de que um indivíduo ou objeto são resultantes de um conjunto de influências simultâneas, a compreensão humana processa informações com pequena dimensão. No entanto, o uso de técnicas de estatística multivariada vem

ganhando espaço em diversas áreas da ciência por permitir analisar simultaneamente múltiplas variáveis sobre cada indivíduo ou objeto estudado (HAIR et al., 2005), com a vantagem de permitir a redução do espaço m-dimensional das variáveis para uma maior compreensão da análise. Assim, os métodos de exploração multivariada de dados auxiliam na formação de ambientes de produção no estudo da interação genótipo–ambiente, pois estes são definidos como um conjunto de elementos que exerce alguma influência sobre a expressão dos genótipos dos animais.

Para estes métodos existem técnicas de interdependência, que são assim classificadas quando nenhuma variável ou grupo de variáveis são tratados como dependentes ou independentes, tais como, as análises de agrupamento e as análises de componentes principais.

Análise de Agrupamento

A análise de agrupamento é uma técnica que permite que indivíduos ou objetos sejam classificados em grupos diferentes. O que se pretende na análise de agrupamento é alcançar o máximo de homogeneidade dentro dos grupos de indivíduos ou objetos e a máxima heterogeneidade entre os grupos formados. Um dos principais objetivos da utilização desta técnica é a simplificação de dados por meio da redução do número de indivíduos ou objetos em grupos. Duas abordagens são utilizadas: os métodos hierárquicos e os métodos não hierárquicos.

No método hierárquico de agrupamento a representação dos grupos é feita num gráfico com uma estrutura de árvore denominado dendrograma (SNEATH & SOKAL, 1973). Este método de agrupamento separa indivíduos ou objetos em grupos por meio da escolha de um coeficiente de semelhança que quantifica o quanto dois indivíduos ou objetos são similares e uma estratégia que permite classificar os grupos.

Um dos coeficientes de semelhança muito utilizado é a distância euclidiana que é uma medida de dissimilaridade, ou seja, quanto menor o valor, mais próximo (similar) um objeto do outro, e uma estratégia de agrupamento muito usada é a de WARD

(1963), que forma grupos de maneira a atingir sempre o menor erro interno entre os vetores que compõem cada grupo e o vetor médio do grupo, ou seja, busca o mínimo desvio-padrão entre as variáveis de cada grupo (DUTRA et al., 2004). A escolha do coeficiente de semelhança usado entre os vetores de médias dos grupos pode acarretar diferentes formações de agrupamentos e seus objetos, dessa forma, a distância euclidiana vem sendo utilizada com maior frequência por ser uma métrica completa (HAIR et al., 2005).

Uma grande contribuição das análises de agrupamento hierárquico é a capacidade de explorar dados sem nenhuma hipótese a “priori” sobre sua estrutura e comportamento. Atualmente, a literatura reporta que todas as áreas da ciência utilizam esta técnica de exploração.

O método não hierárquico k-médias é aplicado quando se conhece o número de grupos em que os dados serão classificados. A classificação de um objeto ou indivíduo em um grupo é feita pela distância mínima entre o vetor de informações do objeto ou indivíduo aos centróides de cada grupo.

SACHS et al. (2006), em trabalho para caracterizar a pecuária no Vale do Paraíba Paulista, agregaram pelo método k-médias municípios do Vale do Paraíba Paulista em três grupos com características distintas em relação tanto à atividade pecuária quanto à sua importância na região. Já DO VAL et al. (2008) pesquisou por esta abordagem multivariada, em bovinos Nelore, grupos cujas diferenças esperadas nas progênies (DEPs) apresentaram padrões de semelhança.

Métodos de agrupamento hierárquico e não hierárquico são poderosas ferramentas na exploração de dados, e devem ser aplicados sempre que características ou variáveis estudadas não forem independentes.

Análise de Componentes Principais

Os componentes principais (CP) são combinações lineares que preservam do conjunto de variáveis originais o máximo de informação.

Os CP são autovetores obtidos dos autovalores da matriz de variâncias-covariâncias das variáveis originais (quando as variáveis possuem a mesma unidade) ou da matriz de correlação. O primeiro autovetor retém a maior quantidade da variabilidade total presente, já o segundo autovetor, retém a maior quantidade da variabilidade total excluindo-se a quantidade retida no primeiro, e assim sucessivamente. Espera-se que a maior parte da variabilidade presente seja explicada pelos três primeiros autovetores (LANDIM, 2000).

A partir do espaço m-dimensional original, a técnica busca um espaço de menor dimensão formado por variáveis latentes denominadas de componentes principais na região onde se concentra a maior variabilidade original. O poder de cada variável no seu respectivo componente é medido, o que permite diminuir a estrutura de variáveis originais numa nova estrutura menor que a inicial. Assim, as unidades amostrais são distribuídas em gráficos bidimensionais onde os eixos ortogonais são os componentes principais. Portanto, é considerada uma técnica de transformação de variáveis que dispostos em um espaço de duas dimensões podem agregar variabilidade suficiente indicando algum padrão a ser interpretado (LANDIM, 2000).

Objetivos

1- Definir e caracterizar ambientes comuns de produção de bovinos Canchim no Brasil e no Estado de São Paulo para o estudo da interação genótipo–ambiente.

2- Verificar a existência de interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano de bovinos Canchim, por meio de diferentes metodologias de investigação.

Referências

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: Nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPOSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...**Pirassununga:SBMA, 2004. 1CD-ROM.

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

ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 2, p. 421-427, 2005.

ARANGO, J. A.; CUNDIFF, L. V.; VAN VLECK, L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

ARAUJO, C. V. et al. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, n. 3, p. 975-981. 2006. Suplemento.

BRADSHAW, A. D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in Genetics**, v.13, p.115-155, 1995.

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

CARDOSO, F. F.; OLIVEIRA, M. M.; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...**Jaboticabal: SBZ, 2007. 1CD-ROM.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...**Goiânia: SBZ, 2005. 1CD-ROM.

CARVALHO, F.M. **Estudo de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama na raça Canchim.** 2007. 57 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Evolução) – Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2007.

CECCARELLI, S. Specific adaptation and breeding for marginal conditions. **Euphytica**, v.77, p.205-219, 1994.

CORRÊA, M.B.B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória.** 2007. 88 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2007.

COSTA, M.T.G.P. **Estimação Bayesiana de componentes de variância e parâmetros genéticos em um rebanho da raça Guzerá.** 2005. 56f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2005.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. p. 390.

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

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

DIONELLO, N.J.L. et al. Estimação de parâmetros genéticos utilizando-se a produção de leite no dia do controle em primeiras lactações de vacas da raça Jersey. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 4. p. 1646-1652, 2006. Suplemento.

DO VAL et al. Alternativas para seleção de touros da raça Nelore considerando características múltiplas de interesse econômico. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n.03, p. 105-712, 2008.

DUTRA, R. M.; SPERANDIO, M. ; COELHO, J. O Método Ward de Agrupamento de Dados e sua Aplicação em Associação com os Mapas Auto-Organizáveis de Kohonen. In: WORKCOMP SUL - WORKSHOP DE CIÊNCIAS DA COMPUTAÇÃO E SISTEMAS DA INFORMAÇÃO DA REGIÃO SUL, 1., 2004, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: UNISUL, 2004.

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, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

EL FARO; L. ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p. 1104-1113, 2003.

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

FALCÃO, A.J.S. et al. Heterocedasticidade entre Estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa, usando métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.405-414, 2006.

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

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

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

FERREIRA, V.C.P. et al. Interação genótipo x ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v. 53, n. 3, p. 385-392, 2001.

FREUND, J. F.; WALPOLE, R. E. **Mathematical statistics**. 3. ed, New Jersey: Prentice-Hall, 1980. 547 p.

HAIR, J.F. et al. **Análise multivariada de dados**. 5. ed. Porto Alegre: ed. Bookman 2005. p. 600.

HANSEN A.; WILSON, D.E.; ROUSE, G.H. Estimation of genetic parameters for ultrasound-predicted percentage of intramuscular fat in Angus cattle using random regression models. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 35-45, 2003.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontário: University of Guelph, 1984. p. 462.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.1217-1226. 1997b.

JAMROZIK, J. et al. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.2550-2556, 1997a.

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

KOMOLDIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. 2003. 35 f. Tese (Doutorado em Animal Breeding and Genetics) - Swedish University of Agricultural Sciences. Uppsala, 2003.

KOLMODIN, R. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11–24, 2002.

LANDIM, P.M.B. **Análise estatística de dados geológicos multivariados**. Laboratório de Geomatemática, DGA, IGCE, UNESP/Rio Claro, Texto Didático 03, 128 p. 2000. Disponível em: <<http://www.rc.unesp.br/igce/aplicada/textodi.html>>. Acesso em: 29 jan. 2008.

LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: SEDEGRA. 1964. p. 570.

MASCIOLI, A.S. et al. A study of the genotype x environment interaction for growth traits in beef cattle using Bayesian inference. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p. 2275-2284, 2006.

MATTAR, M.; CARDOSO, F.F.; ALENCAR, M.M. Normas de reação para o estudo da interação genótipo-ambiente do peso ao sobreano de bovinos Canchim. In: REUNIÓN DE LA ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 20., 2007, Cusco. **Anais...Cusco:ALPA**, 2007. 1CD-ROM.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p. 69 – 83. 2003.

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

MEYER, K. "DXMRR" – A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...**Armidale: University of New England, 1998. 1CD ROM.

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

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

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

QUEIROZ, S.A.; PELICIONI, L.C.; ALBUQUERQUE, L.G., Valores genéticos preditos para características de crescimento de bovinos Guzerá, utilizando modelos unicaracterística e de regressão aleatória. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande, Mato Grosso do Sul. **Anais...**Campo Grande:SBZ, 2004. 1CD-ROM.

REIS, J.C.; LÔBO, R.B. **Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194 p.

ROBBINS, K.R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. **Journal of Animal Science**, v. 83, p. 29-33, 2005.

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

SACHS, R.C.C. et al. Caracterização da pecuária no Vale do Paraíba paulista utilizando a análise multivariada. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 51., 2006, Botucatu. **Anais...Botucatu: RBRAS.2006.**

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

SCHENKEL, F.S. et al. Random regression analyses of feed intake to individually tested beef steers. **Livestock Production Science**, v.88, p. 129-142, 2004.

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. 117f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Centro de Ciências Agrárias. Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2004. 1CD-ROM.

SIMONELLI, S.M.D. et al. Interação genótipo ambiente para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: SIMPOSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. **Anais...Pirassununga:SBMA, 2004.** CD-ROM.

SIROL, M.L.F.G. et al. Efeito da interação reprodutor x rebanho sobre as produções de leite e de gordura na raça Pardo-Suíça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.5, p. 1573-1580, 2005.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification**. San Francisco: Freeman, 1973. 573p.

SOUZA, J.C. et al. Estudio de las correlaciones genéticas y de ambiente para el peso al destete en bovinos de la raza Nelore en el Brazil. **Archivo Latinoamericano Produccion Animal**, v.5, suplemento 1, p.485-487, 1997.

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

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

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

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236- 244, 1963.

WARWICK, E.J.; LEGATES, J. **Cría y mejora del ganado**. 3 ed. México: McGraw-Hill, 1980. 623 p.

CAPÍTULO 2 – CARACTERIZAÇÃO DE GRUPOS CLIMÁTICOS DE MUNICÍPIOS DO ESTADO DE SÃO PAULO COM PRODUÇÃO DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

Caracterização de grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo com produção de bovinos da raça Canchim

RESUMO – No estudo de interação genótipo–ambiente é importante definir e caracterizar ambientes que sejam fidedignos em suas homogeneidades ambientais e simplificados para facilitar a aplicação deles nas metodologias atuais. O objetivo foi caracterizar, em termos de condições climáticas, ambientes de produção de bovinos da raça Canchim no Estado de São Paulo, por meio de métodos exploratórios multivariados de dados. Foram analisados 51 municípios paulistas em relação a variáveis meteorológicas e geográficas do clima: altitude, precipitação, classificação climática de Köeppen, latitude, longitude e temperaturas médias mínima e máxima anual. As análises foram realizadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico e não hierárquico k-médias, em que, para ambas, o coeficiente de semelhança utilizado para avaliar a similaridade climática entre os municípios foi a distância euclidiana. A estratégia de agrupamento de variância mínima foi utilizada pelo método hierárquico, e para o método k-médias foram estabelecidos a “priori” quatro grupos de municípios a serem formados. A análise de componentes principais foi utilizada para avaliar a relevância de cada variável climática dentro dos grupos de municípios formados. Os resultados evidenciaram que as técnicas de agrupamento hierárquico e não hierárquico foram eficientes para a simplificação e formação de quatro grupos homogêneos de municípios paulistas, em relação às variáveis climáticas estudadas. Já, a técnica de componentes principais permitiu discriminar, para cada grupo, os fatores climáticos mais relevantes em sua formação, através de dois componentes que preservaram 81,72% da variabilidade contida no conjunto das variáveis climáticas originais. Os resultados evidenciaram que as técnicas de estatística multivariada foram ferramentas

eficientes para simplificar e discriminar ambientes de produção para a raça Canchim. Dentre os quatro agrupamentos de municípios paulista formados, obtiveram-se ambientes homogêneos de clima ameno, frio, quente ou muito quente, estes capazes de promover maior facilidade de processamento em avaliações que investigam a presença de interação genótipo–ambiente.

Palavras-chave: análise de agrupamento, bovinos de corte, componentes principais, interação genótipo–ambiente, variáveis climáticas.

Introdução

A obtenção de progressos genéticos nos rebanhos comerciais bovinos deve-se à escolha de animais geneticamente superiores para serem pais das próximas gerações. No entanto, o ambiente em que os animais são selecionados, reproduzidos e criados influencia no desempenho da característica explorada.

Com base em estudos de interação genótipo–ambiente em bovinos é possível investigar esta influência ambiental sobre os genótipos dos animais, mas para isso, os diferentes ambientes de produção devem ser definidos para que os genótipos sejam avaliados dentro deles.

Um ambiente de produção pode ser definido como um conjunto de fatores não genéticos que exerce influência sobre os genótipos. Estes fatores que podem causar algum efeito sobre a expressão de um conjunto de genes, por vezes, são desconhecidos, e se conhecidos podem não constar nos bancos de dados das associações de bovinos que detém informações de produção.

No Brasil, existe grande variedade de sistemas de produção de gado bovino que envolve diferenças na nutrição, manejo e sanidade do rebanho, mesmo em locais próximos, e geralmente, nos programas de melhoramento genético, estes fatores são controlados nas avaliações por serem incluídos como efeitos nos modelos de análise.

Outros fatores mais complexos que causam divergência ambiental, como o clima, resultante da abrangência de muitas variáveis climáticas, tais como, as de elementos meteorológicos (ex: temperatura, insolação, pluviometria, umidade relativa do ar, ventos) e de fatores geográficos (ex: latitude, longitude, altitude, declividade), normalmente não são calculados nos modelos de avaliação para o controle ambiental. No entanto, estas variáveis climáticas podem ser utilizadas para definir ambientes de produção homogêneos para o estudo de seus efeitos sobre os genótipos.

Com o avanço da informática e a possibilidade do uso de metodologias mais sofisticadas, as técnicas exploratórias multivariadas de dados, como as análises de agrupamento e as análises de componentes principais, podem ser utilizadas, segundo HAIR et al. (2005), para proporcionar uma análise simultânea de múltiplas variáveis (ex:

climáticas) sobre qualquer objeto (ex: municípios), permitindo a redução do espaço dimensional destas variáveis para que haja maior compreensão de seus resultados. Desta forma, é possível agrupar ambientes homogêneos em relação a estas variáveis climáticas, o que reduz o número de ambientes de produção e facilita o uso de metodologias aplicadas ao estudo da interação genótipo–ambiente, além da possibilidade de avaliar o poder de influência de cada variável sobre estes ambientes.

Neste trabalho, os objetivos foram caracterizar e definir ambientes de produção homogêneos em relação às variáveis climáticas de elementos meteorológicos e geográficos de municípios pertencentes ao Estado de São Paulo que tenham rebanhos de bovinos da raça Canchim, por meio de análise de agrupamento e análise de componentes principais.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de 51 municípios paulistas com rebanhos de bovinos da raça Canchim, participantes do programa de avaliação genética desta raça, executado pelo programa de melhoramento Embrapa-Genepplus, em convênio com a Associação Brasileira de Criadores de Canchim.

Para cada município foram obtidos dados de variáveis de elementos meteorológicos do clima e fatores geográficos do clima, sendo eles: altitude (m); precipitação (mm); classificação climática de Koeppen (Cck); latitude (°); longitude (°); temperatura média mínima anual (°C) e temperatura média máxima anual (°C).

Os dados meteorológicos e geográficos dos municípios foram obtidos por meio do CEPAGRI (Centro de Pesquisas Meteorológicas e Climáticas Aplicadas à Agricultura).

Os dados de precipitação foram fornecidos para o CEPAGRI pelo Departamento Autônomo de Água e Esgotos, quando disponíveis no município, e quando indisponíveis foram estimados por um algoritmo baseado no trabalho de BERGAMASCHI et al. (1992), que seguiram o método de THORNTHWAITE & MATHER (1955). As séries

temporais foram variáveis para cada município, mas sempre com, no mínimo, 25 anos de observações.

Os dados de temperatura quando indisponíveis foram gerados por equações baseadas em altitude e latitude, mediante ajustes das equações de regressão múltipla, para estimar valores médios mensais e anuais de temperaturas mínima, média e máxima, com a finalidade de ampliar a rede de dados climáticos do Estado de São Paulo.

A classificação climática de Köeppen para o Estado de São Paulo, baseada em dados mensais pluviométricos e termométricos, foi dividida em sete tipos climáticos distintos. Dois tipos climáticos foram observados para os municípios do Estado de São Paulo presentes neste trabalho, sendo eles, o “Cwa” caracterizado pelo clima tropical de altitude, com chuvas no verão e seca no inverno, com a temperatura média do mês mais quente superior a 22°C, e o “Aw” caracterizado como tropical chuvoso com inverno seco e mês mais frio com temperatura média superior a 18°C (Figura 1).

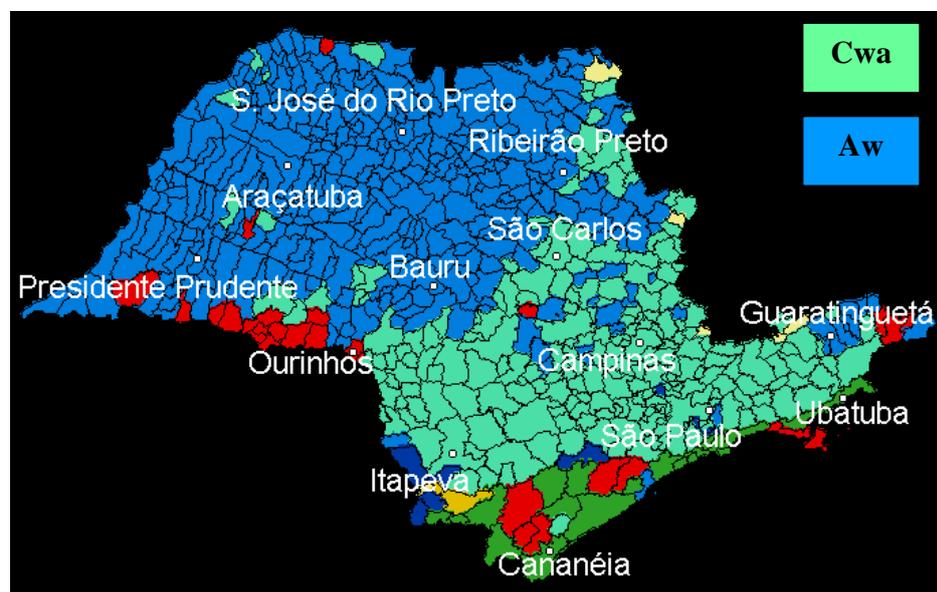


Figura 1. Classificação de Köeppen do Estado de São Paulo (CEPAGRI, 2007).

Para agrupar os municípios em relação às variáveis ambientais, o número ideal de grupos a serem formados não foi conhecido, por isso, uma análise prévia usando o método hierárquico de agrupamento foi utilizada.

Pelo método hierárquico os agrupamentos dos municípios e a similaridade entre eles foram visualizados por meio de dendrograma. A estratégia de agrupamento utilizada foi o método hierárquico de agrupamento de variância mínima (WARD, 1963), e o coeficiente de semelhança foi a distância euclidiana (d), definida pela distância geométrica num espaço 7-multidimensional correspondentes às variáveis climáticas. O cálculo da distância euclidiana entre dois municípios “A” e “B” nesse espaço foi feito por meio da fórmula:

$$d_{AB} = \sqrt{(X_{1A} - X_{1B})^2 + (X_{2A} - X_{2B})^2 + \dots + (X_{7A} - X_{7B})^2}$$

Em que:

$X_{1,2,\dots,7}$ foram as variáveis climáticas estudadas de cada município.

Utilizando as informações de agrupamentos a “priori” pelo método hierárquico, foi possível escolher k distintos valores para centróides dos grupos para serem utilizados no método não hierárquico de agrupamento k -médias, sendo a medida de similaridade utilizada a distância euclidiana, para medir a distância entre cada município e um centróide.

Após a simplificação dos ambientes em grupos de municípios pelo método de agrupamento k -médias, foi avaliada a relevância da quantidade de informações contidas em cada variável climática por meio da análise de componentes principais, onde se pode observar o poder discriminatório destas variáveis para cada grupo de municípios do Estado de São Paulo, visualizados em um plano bidimensional formado por componentes principais, conforme:

$$r_{x_j}(CP_h) = \frac{a_{jh}\sqrt{\lambda_h}}{S_j}$$

Em que:

S_j = desvio-padrão da variável j ;

a_{jh} = coeficiente da variável j no h -ésimo componente principal;

λ_h = autovalor h ;

$r_{x_j}(CP_h)$ = correlação da variável x_j com o h -ésimo componente principal.

Os autovetores (CP_1, \dots, CP_h) foram construídos a partir dos autovalores da matriz de covariância das variáveis climáticas em ordem decrescente, assim, o CP_1 reteve a maior variabilidade do conjunto original dos dados, diminuindo sucessivamente nos demais CP .

Em cada componente principal a variância retida foi calculada da seguinte forma:

$$CP_h = \frac{\lambda_h}{\text{traço}(C)} \times 100$$

Em que:

CP_h = componente principal h ;

λ_h = autovalor h ;

C = matriz de covariância;

$\text{Traço}(C) = \lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_n$.

As metodologias de análises multivariadas (análises de agrupamento hierárquico e não hierárquico e, análise de componentes principais) foram realizadas pelo programa STATISTICA (STATSOFT, 2004).

Como as medidas utilizadas nas técnicas são sensíveis a diferentes escalas ou magnitudes das variáveis, as análises foram processadas com os dados originais padronizados, pela fórmula:

$$X_{\text{padronizado}} = (X - \text{média}) / \text{desvio-padrão}$$

Assim, o módulo dos valores padronizados indicou a distância entre a média e o valor original em termos de desvio-padrão.

Resultados e Discussão

Análise de Agrupamento

No dendrograma obtido pelo método hierárquico de agrupamento é apresentada a formação de dois grandes grupos, subdivididos em cinco grupos menores de municípios do Estado de São Paulo. A distância de conexão entre os municípios foi observada pelo nível de abstração entre eles, assim, municípios próximos no dendrograma apresentaram maior similaridade em relação às variáveis climáticas, como é mostrado na Figura 2.

No processamento da análise de agrupamento pelo método não hierárquico k-médias, inicialmente foi utilizada a quantidade de k=5 grupos de centróides, baseado nos menores agrupamentos do dendrograma, no entanto a divisão em k=4 grupos proporcionou melhor discussão dos resultados, em relação à homogeneidade climática dentro os grupos e heterogeneidade climática entre os grupos, conforme a Figura 3.

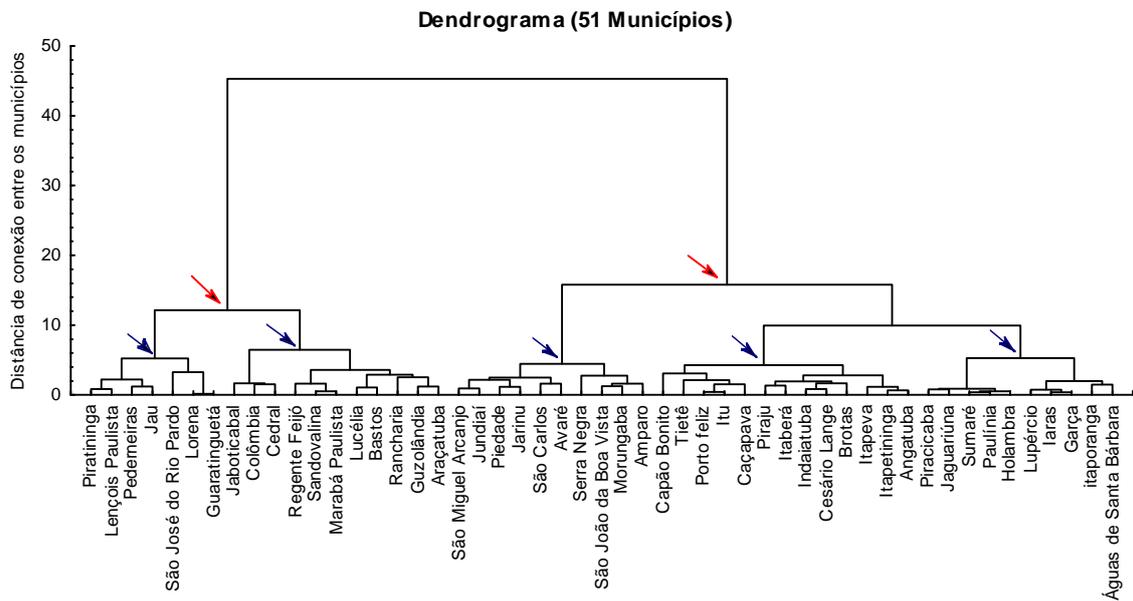


Figura 2. Dendrograma mostrando a estrutura de grupos dos municípios do Estado de São Paulo.

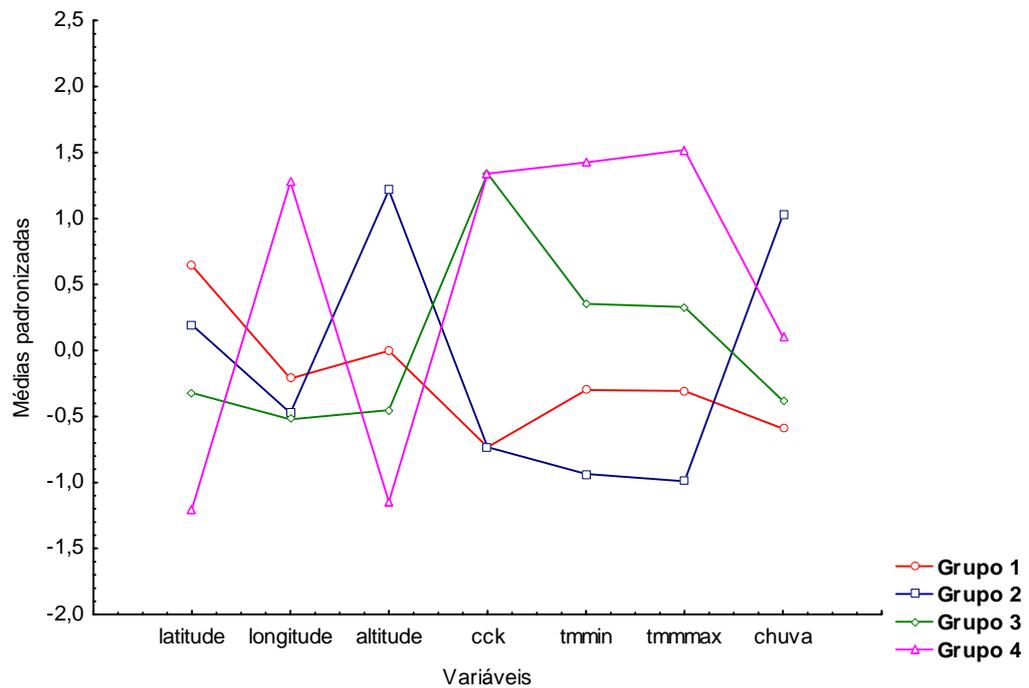


Figura 3. Grupos de centróides das variáveis climáticas dos agrupamentos formados via k-médias.

Observou-se na Figura 3 que as médias das variáveis latitude, altitude, temperatura média mínima anual ($T_{mín}$), temperatura média máxima anual ($T_{máx}$) e precipitação foram distintas entre os grupos formados. Para longitude, as médias dos grupos 2 e 3 foram próximas, e apenas uma classificação de Köeppen (Cck) foi considerada em cada grupo.

O grupo 1 formou-se pelos municípios Águas de Santa Bárbara, Angatuba, Brotas, Caçapava, Capão Bonito, Cesário Lange, Holambra, Indaiatuba, Itaberá, Itaporanga, Itapetininga, Itapeva, Itu, Jaguariúna, Paulínia, Piracicaba, Piraju, Porto Feliz, Sumaré e Tietê, e apresentou a maior média de latitude e baixas médias de $T_{mín}$ e $T_{máx}$ e precipitação, com municípios classificados pela divisão Cwa de Köeppen, caracterizando o grupo de municípios como ambiente ameno em relação ao clima.

O grupo 2, formado pelos municípios Amparo, Avaré, Garça, Iaras, Jarinu, Jundiá, Lupércio, Morungaba, Piedade, São Carlos, São Miguel Arcanjo, Serra Negra e São João da Boa Vista, apresentou a maior média de altitude e precipitação, e menor média de $T_{mín}$ e $T_{máx}$, com classificação Cwa de Köeppen, o que definiu o grupo como o ambiente de clima mais frio.

O grupo 3, formado pelos municípios Guaratinguetá, Jaú, Lençóis Paulista, Lorena, Pederneiras, Piratininga e São José do Rio Pardo possuiu médias intermediárias de altitude, $T_{mín}$, $T_{máx}$ e precipitação, porém, com temperaturas médias maiores comparadas ao grupo 1, e com classificação Aw de Köeppen, conferindo o agrupamento como um ambiente de clima quente.

O grupo 4 foi formado pelos municípios Araçatuba, Bastos, Cedral, Colômbia, Guzolândia, Jaboticabal, Lucélia, Marabá Paulista, Rancharia, Regente Feijó e Sandovalina e definido como o agrupamento com a maior média de $T_{mín}$ e $T_{máx}$ e menor média de latitude e altitude, classificado de Aw por Köeppen, caracterizando o grupo como o ambiente de clima mais quente dentre os grupos formados.

Observou-se nos quatro grupos formados que a variável latitude implicou em efeito direto sobre a temperatura média do ar, a qual diminuiu em grupos de municípios localizados a partir do equador em direção ao pólo sul, em razão desta variável ser

determinante do fotoperíodo e da radiação solar recebida nas diferentes estações do ano. A variável altitude também influenciou nas temperaturas e quanto maior foi sua média, menor as $T_{mín}$ e $T_{máx}$, explicado pela menor concentração de gases e umidade em altos relevos reduzindo a retenção de calor, além da menor irradiação de luz solar recebida que é emitida pelos oceanos. A média de precipitação dos grupos foi maior no ambiente mais frio (grupo 2), no entanto, foi alta no ambiente denominado mais quente (grupo 4), o que evidencia o comportamento isolado desta variável.

Os valores das médias para cada variável climática de cada um dos quatro grupos formado são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Médias das variáveis climáticas dos grupos de municípios paulistas via agrupamento k-médias.

Variáveis ambientais	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 4
Latitude (°)	22,70	22,30	21,85	21,09
Longitude (°)	47,50	47,07	47,00	49,90
Altitude (m)	603,40	774,76	551,14	470,27
$T_{mín}^2$ (°C)	15,02	14,40	15,65	16,70
$T_{máx}^3$ (°C)	27,65	26,79	28,45	29,95
Chuva (mm)	1.282,71	1.419,38	1.300,26	1.341,15

² temperatura média mínima anual, ³ temperatura média máxima anual.

Componentes Principais

Na análise de componentes principais, a dispersão dos municípios paulistas agrupados utilizou os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), cujos autovalores da matriz de covariância foram superiores à unidade, segundo o método de KAISER (1958), e conseguiram preservar 81,72% da variabilidade contida no conjunto das variáveis climáticas originais, sendo que 60,20% e 21,52% foram retidos no CP1 e no CP2, respectivamente. Assim, os municípios antes definidos de forma multidimensional (sete variáveis climáticas), ficaram definidos em um espaço bidimensional pelas coordenadas de CP1 e CP2, o que, segundo CURTI (1993), possibilita suas localizações como um ponto em um gráfico bidimensional.

Os coeficientes de correlação entre as variáveis climáticas e os componentes principais são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Correlação entre as variáveis climáticas e o primeiro (CP1) e segundo (CP2) componente principal.

Variáveis ambientais	CP1	CP2
Latitude	0,63	0,70
Longitude	-0,65	0,19
Altitude	0,87	-0,30
Cck ¹	-0,85	-0,19
Tmmin ²	-0,93	0,05
Tmmmax ³	-0,97	-0,03
Precipitação	0,23	-0,91

¹ Classificação climática de Koeppen; ² temperatura média mínima anual; ³ temperatura média máxima anual.

Observou-se que, no CP1, as variáveis climáticas, exceto precipitação, possuíram alto poder discriminatório, principalmente Tmmáx, Tmmín, altitude e Cck. Já no CP2, o poder discriminatório foi alto para precipitação, seguido de latitude. No entanto, uma variável do CP1 tem maior relevância do que qualquer variável de CP2.

Na Figura 4 é mostrada a distribuição dos municípios paulistas membros dos grupos formados pelo método k-médias, no plano bidimensional formado pelos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2).

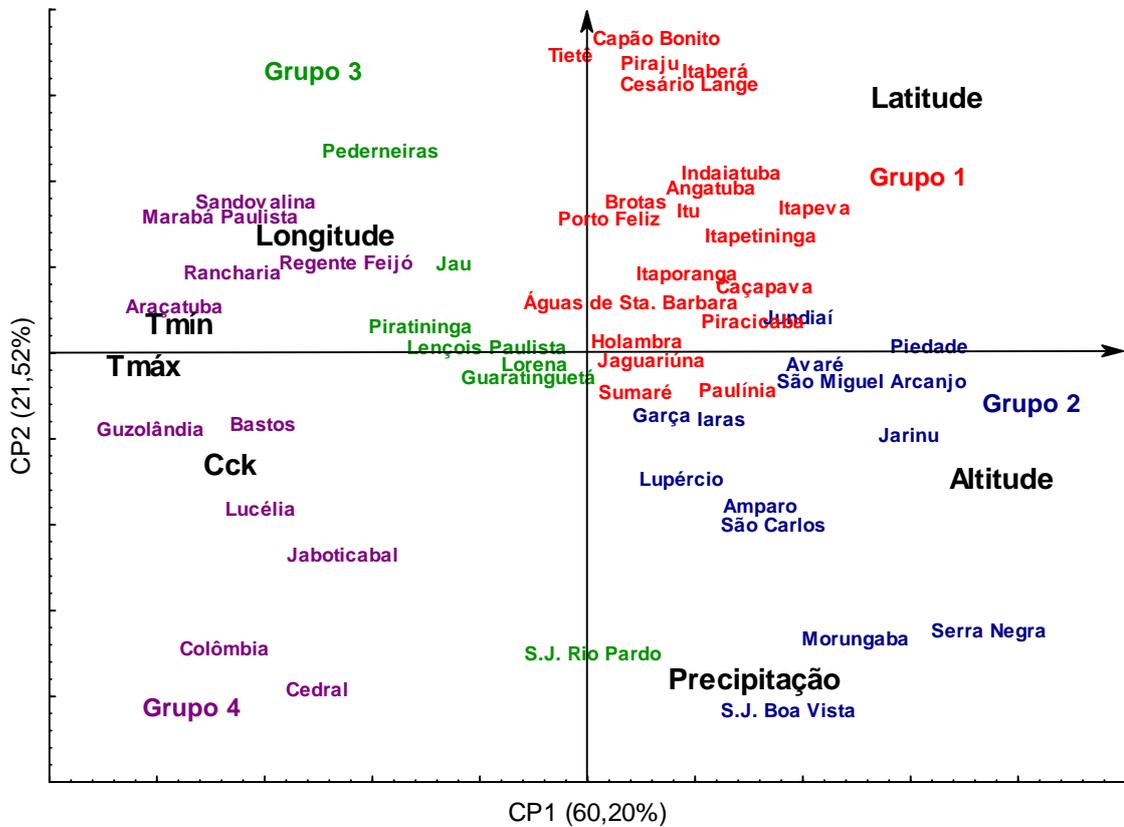


Figura 4. Gráfico bidimensional de grupos e variáveis ambientais.

O valor negativo das correlações entre as variáveis Tmáx, Tmín, Cck e longitude com o CP1 indicou que quanto mais os municípios se posicionaram a esquerda no eixo horizontal, maior foi o valor destas variáveis climáticas para estes municípios. Ao contrário, as variáveis climáticas latitude e altitude tiveram poder discriminatório evidenciado por correlações positivas com o CP1, apontando que municípios localizados mais a direita no eixo horizontal, tenderam a se discriminar por estas variáveis. Quanto ao CP2, a precipitação e a latitude foram as variáveis climáticas com maior poder discriminatório, com valores de correlação negativa e positiva, respectivamente. Assim, os municípios que se situaram mais abaixo ou mais acima no eixo vertical, tenderam a se discriminar por estas variáveis, respectivamente.

Dessa forma, os grupos 1 e 2 tiveram propensão a se discriminar pelas maiores latitudes e altitudes, respectivamente, porém com baixas médias de temperaturas

mínimas e máximas anuais ($T_{m\acute{a}x}$ e $T_{m\acute{m}n}$). Os municípios do grupo 3 tenderam ao centro no plano bidimensional, indicando comportamento intermediário em relação às variáveis climáticas, exceto com a discriminação pela alta precipitação de um município, no CP2. Já, o grupo 4 inclinou-se a discriminar pela menor latitude e maiores $T_{m\acute{a}x}$ e $T_{m\acute{m}n}$.

Na Figura 5 é apresentada a localização dos municípios paulistas pertencentes aos grupos formados via k-médias, e codificados pela cor que representa os grupos, utilizando o programa de sistema de informação geográfico MAPINFO (1995).

Conclusões

Os grupos de municípios paulistas formados classificaram os 51 municípios paulistas em quatro agrupamentos climáticos homogêneos definidos em relação ao clima, como ambientes de clima ameno, frio, quente ou muito quente.

Os procedimentos multivariados utilizados permitiram simplificar e caracterizar ambientes de produção no Estado de São Paulo, onde são criados bovinos Canchim, a fim de promover maior facilidade de processamento em avaliações que investigam a presença de interação genótipo-ambiente.

Referências

BERGAMASCHI, H. et al. **Agrometeorologia aplicada à irrigação**. Porto Alegre: Ed. Da UFRGS. 1992. 125 p.

CEPAGRI. **Clima dos municípios Paulistas**. Disponível em: <http://www.cpa.unicamp.br/outras-informacoes/clima-dos-municipios-paulistas.html>. Acesso em: 11 nov. 2007.

CURI, P.R. Agrupamento de países segundo indicadores de padrão de vida. **Revista Saúde Pública**, São Paulo, v.27, n.2, p. 127-134.1993.

HAIR, J.R. et al. **Análise multivariada de dados**. 5. ed. Porto Alegre: Buckman, 2005.593 p.

KAISER, H.F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v.23, p. 187-200, 1958.

MAPINFO. **Professional user's guide**. Version 7.5. Troy, 1995.

STATSOFT. **STATISTICA**: (data analysis software system). Version 7. São Caetano do Sul, 2004.

THORNTWAITE, C.W.; MATHER, J.R. The water balance. **Publications in Climatology**, v.10, p.181-311, 1955.

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236- 244, 1963.

CAPÍTULO 3 – INTERAÇÃO GENÓTIPO–AMBIENTE PARA O PESO AO SOBREANO DE BOVINOS CANCHIM EM REGIÕES DO BRASIL E GRUPOS CLIMÁTICOS DE MUNICÍPIOS DO ESTADO DE SÃO PAULO

Interação Genótipo–Ambiente para o Peso ao Sobreano de Bovinos Canchim em Regiões do Brasil e Grupos Climáticos de Municípios do Estado de São Paulo

RESUMO – A presença da interação genótipo–ambiente em bovinos pode ser caracterizada pela mudança do conjunto de genes que expressam uma característica em função do ambiente de produção. O objetivo neste trabalho foi investigar a existência de interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano de bovinos da raça Canchim em ambientes caracterizados como regiões do Brasil (Estados do Paraná, São Paulo, Minas Gerais e Mato Grosso e Mato Grosso do Sul), e como grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo, que foram definidos por meio de análise de agrupamento e discriminados via componentes principais. As metodologias utilizadas foram: a comparação de dois modelos, um com e outro sem o efeito não correlacionado touro-região ou touro-grupo, correlações genéticas multicaráter entre os pesos ao sobreano, assumindo-o como característica diferente em cada nível ambiental, e correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos do peso ao sobreano dos animais obtidos em análises multicaráter e unicaráter. Os arquivos de dados e os pedigrees possuíam 13.820 e 6.244 dados de peso ao sobreano e 21.360 e 9.819 animais, para regiões do Brasil e grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo, respectivamente. Todos os modelos incluíram o efeito de grupo de contemporâneos, de idade do animal ao sobreano (covariável, linear) e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual. Na primeira metodologia, apenas para regiões do Brasil o efeito touro-região foi significativo no modelo de análise. As correlações genéticas entre os pesos nos ambientes sugeriram que a característica estudada foi expressa de maneira distinta conforme o ambiente. Já, a ordenação dos

reprodutores de acordo com seus valores genéticos nos diferentes ambientes apontou para a reclassificação dos animais. Assim, os resultados evidenciaram a presença de interação dos genótipos com os ambientes propostos, mesmo em locais próximos, sendo necessária a inclusão deste componente de variação do peso ao sobreano nas avaliações genéticas, e sugerem que estas avaliações sejam realizadas regionalmente.

Palavras-chave: bovinos de corte, correlações genéticas, comparação de modelos, interação genótipo–ambiente, peso ao sobreano

Introdução

A interação genótipo–ambiente (IGA) em bovinos de corte é caracterizada por evidenciar mudanças na extensão com a qual o genótipo de um animal é expresso dependendo do seu ambiente de produção. Assim, a presença de IGA pode causar alteração no desempenho dos animais, como também na magnitude absoluta ou relativa das variâncias genética, de ambiente e fenotípica (ALENCAR et al., 2005), implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (HENDERSON, 1984).

Atualmente, pesquisas com bovinos no Brasil vem sendo realizadas para verificar a existência de IGA, e várias metodologias são empregadas para investigar a presença desta interação em características de interesse zootécnico, dentre elas, a comparação de modelos com e sem efeito do componente de variação de IGA, a avaliação da magnitude e o ordenamento dos genótipos, e o uso de correlação genética entre os desempenhos, em diferentes ambientes. Esta última foi sugerida por FALCONER (1952) para investigar a mudança na ativação dos genes que expressam uma mesma característica quando medida em ambientes diferentes.

Os estudos realizados de IGA evidenciam a importância do ambiente em que o animal é criado, como também, o ambiente de seleção dos reprodutores considerando os locais de cria e recria de suas progênes, pois filhos de um mesmo reprodutor podem não repetir o desempenho dos pais, caso sejam criados em microrregiões ou fazendas diferentes, em razão da existência de interação genótipo–ambiente.

Como no Brasil a maioria dos sistemas de produção de bovinos é feita de forma extensiva em pastagens, é necessário compreender as relações existentes entre o genótipo e o ambiente, não apenas para obter maior produtividade, competitividade e eficiência, mas também para estabelecer sistemas de produção sustentáveis.

O objetivo nesse trabalho foi investigar, mediante diferentes metodologias, a presença de interação genótipo–ambiente para a característica peso ao sobreano de bovinos da raça Canchim, pertencentes a diferentes regiões do Brasil e a grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de bovinos da raça Canchim criados no Brasil, participantes do programa de avaliação genética desta raça, executado pelo programa de melhoramento Embrapa-Geneplus, em convênio com a Associação Brasileira de Criadores de Canchim.

Na edição e consistência do conjunto de dados foram formados grupos de contemporâneos (GC) com informações de ano e estação de nascimento do animal, sexo, grupo genético da mãe, propriedade de cria, propriedade ao desmame, regime alimentar ao desmame, propriedade ao sobreano e regime alimentar ao sobreano. Foram consideradas quatro estações de nascimento: 1-setembro a novembro; 2-dezembro a fevereiro; 3-março a maio; e 4-junho a agosto. Os regimes alimentares ao desmame e ao sobreano foram divididos em três categorias: 1- pastagem, 2-com suplemento alimentar e 3-confinamento. Foram eliminados registros superiores e inferiores a 3,5 desvios-padrão em relação à média do peso ao sobreano, além de serem excluídos GC com menos de quatro informações e touros com menos de dois filhos no arquivo de dados.

As conexões genéticas entre os grupos de contemporâneos (GC) foram avaliadas por meio das ligações genéticas entre eles. O grau de conectabilidade baseou-se no número total de laços genéticos direto entre um GC e outro, ocorrido quando existiram pais, mães ou algum antepassado comum, usando o programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006), em que, no mínimo, 10 laços genéticos de conectabilidade foram considerados entre os GC, sob um modelo animal.

A existência da interação genótipo – ambiente foi avaliada utilizando-se três metodologias descritas a seguir:

Metodologia 1: Comparação de modelos incluindo (modelo completo) ou não (modelo reduzido) o efeito aleatório não correlacionado touro-ambiente, pelo teste de razão de verossimilhança (MOOD et al., 1974). Os modelos animais propostos foram:

$$y_i = X\beta + Za + e \text{ (modelo reduzido);}$$

$$y_i = X\beta + Za + Wt + e \text{ (modelo completo);}$$

Em que:

y_i = vetor de observações de peso ao sobreano do animal i ;

β = vetor de efeitos fixos de ambiente;

a = vetor do efeito genético aditivo direto;

t = vetor do efeito aleatório não correlacionado touro-ambiente (regiões do Brasil ou grupos climáticos de municípios paulistas);

e = vetor de efeitos residuais;

X, Z, W = matrizes de incidência.

As pressuposições das esperanças e variâncias genética (a) e residual (e) foram: $E(a) = 0$; $E(e) = 0$; $\text{Var}(a) = A\sigma_a^2$; $\text{Var}(e) = I_n\sigma_e^2$; em que: A = numerador da matriz de parentesco; I = matriz identidade; n = n° de registros; σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_e^2 = variância residual.

As estimativas de variância genética aditiva direta, residual, do efeito não correlacionado touro-ambiente e das funções de verossimilhança de ambos os modelos, foram obtidos utilizando o programa MTDFREML (BOLDMAN et al, 1993).

Metodologia 2: Correlações genéticas entre os desempenhos de peso ao sobreano nos diferentes ambientes, considerando-os como características diferentes, como proposto por FALCONER (1952).

Os dados foram analisados sob um modelo animal, em análise multicaráter, por meio de inferência bayesiana, pelo programa INTERGEN (CARDOSO, 2007), para obter as estimativas de (co)variâncias genéticas e residuais. O modelo proposto incluiu os efeitos de grupo de contemporâneos (GC), idade ao sobreano do animal (covariável - linear), e os efeitos genético aditivo direto e residual, descrito como:

$$y_i = X\beta + Za + e$$

Em que:

y_i = vetor de observações de peso ao sobreano do animal i ;

β = vetor de efeitos fixos de ambiente;

a = vetor de efeito genético aditivo direto;

e = vetor de efeitos residuais;

X, Z = matrizes de incidência associadas aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

As pressuposições em relação às esperanças e variâncias genética e residual foram:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que:

$G = A \otimes G_0$, \otimes é o operador do produto de Kronecker, A é a matriz de parentesco entre os animais, e G_0 a matriz "mxn" de (co)variância genética aditiva direta entre os pesos ao sobreano (PS) nos ambientes diferentes, tal que:

$$G_0 = \begin{pmatrix} \sigma_{a_{11}}^2 & \cdots & \sigma_{a_{1n}} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_{m1}} & \cdots & \sigma_{a_{mn}}^2 \end{pmatrix}$$

"m" = linhas e "n" = colunas;

σ_a^2 = variâncias genética aditiva do peso ao sobreano nos ambientes diferentes;

σ_a = covariância genética aditiva entre pesos ao sobreano nos ambientes diferentes;

$R = I \otimes R_0$, \otimes é o operador do produto de Kronecker, I matriz identidade, e R_0 a matriz de (co)variâncias residuais entre pesos ao sobreano (PS) nos diferentes ambientes. As covariâncias residuais entre os PS foram iguais a zero, pois estas foram medidas em ambientes diferentes.

A verificação da presença de interação genótipo–ambiente seguiu o sugerido por ROBERTSON (1959), que propôs que valores de correlações genéticas abaixo de 0,80 são indícios da existência desta interação.

Metodologia 3: Correlações de Pearson e de Spearman, por meio do procedimento de correlação (SAS, 2003), entre os valores genéticos preditos em análise multicaráter e unicaráter, pelo modelo proposto anteriormente, para analisar a intensidade da associação e o ordenamento dos genótipos conforme o ambiente, de todos os animais e dos touros com informações em todos os ambientes (coincidentes). Para ambos os modelos, as pressuposições foram as mesmas propostas, exceto na análise unicaráter, em que $G = A\sigma_a^2$ e $R = I\sigma_e^2$.

Os ambientes foram definidos de duas maneiras, conforme descrito a seguir:

1 - Ambientes definidos como Regiões do Brasil

Os ambientes estudados foram quatro Regiões do Brasil, formados pelos Estados: 1- Paraná, 2- São Paulo; 3- Minas Gerais; e 4- Mato Grosso e Mato Grosso do Sul.

2 – Ambientes definidos como grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo

Os ambientes estudados foram três grupos de municípios paulistas baseados nos agrupamentos de municípios em relação às variáveis climáticas via análises

multivariadas, apresentadas no Capítulo 2. O grupo 3 foi desconsiderado da análise por apresentar baixo número de observações ($n=80$), o que poderia comprometer os resultados. Após a edição dos dados, os grupos utilizados e seus respectivos municípios foram:

Grupo 1 : Angatuba, Caçapava, Capão Bonito, Holambra, Indaiatuba, Itaberá, Itaporanga, Itapetininga, Itapeva, Jaguariúna,. Piracicaba e Piraju.

Grupo 2: Amparo, Avaré, Garça, Jarinu, Lupércio, São Carlos, São Miguel Arcanjo.

Grupo 4: Araçatuba, Colômbia, Guzolândia, Jaboticabal, Lucélia, Rancharia, Sandovalina.

Para as análises, vários arquivos de dados foram organizados, conforme descrição a seguir:

1 – Arquivos de dados para as análises considerando as Regiões do Brasil como ambientes.

Após a execução do teste de conectabilidade foram excluídos 402 dados do arquivo de animais.

Para as análises multicaráter e unicaráter dos modelos completo e reduzido, o arquivo continha 13.820 dados de peso ao sobreano (PS) de animais nascidos no período de 1989 a 2000, um arquivo de genealogia com 21.360 animais, 1.376 grupos de contemporâneos e 728 classes touro-região (modelo completo).

Para as correlações de Pearson e de Spearman entre as regiões 1, 2, 3 e 4, o arquivo possuía 21.360 informações de valores genéticos do peso ao sobreano de todos os animais de cada região, e 120, 325, 97 e 185 valores genéticos do peso ao sobreano de touros coincidentes em cada região, respectivamente.

Para as análises unicaráter as regiões 1, 2, 3 e 4 nos arquivos apresentaram 1.636, 6.541, 2.884 e 2.759 observações de peso ao sobreano, com 2.776, 10.411,

3.947 e 4.585 animais no pedigree, e 177, 645, 197 e 357 grupos de contemporâneos, respectivamente.

2 – Arquivos de dados para as análises considerando os grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo como ambientes.

Após a execução do teste de conectabilidade foram excluídos 515 dados do arquivo de animais.

Para as análises multicaráter e unicaráter dos modelos completo e reduzido, o arquivo continha 6.224 dados de peso ao sobreano e arquivo de genealogia com 9.819 animais, 607 grupos de contemporâneos e 367 classes touro-grupo (modelo completo).

Para as correlações de Pearson e de Spearman entre os grupos 1, 2 e 4, o arquivo continha 6.224 dados de valores genéticos do peso ao sobreano de todos os animais, e 171, 114, 120 valores genéticos do peso ao sobreano de touros coincidentes em cada grupos.

Para as análises unicaráter os grupos 1, 2, e 4 possuíam 1.890, 1.341 e 2.993 observações de peso ao sobreano, 3.153, 2.065 e 4771 animais no pedigree, e 242, 165 e 189 grupos de contemporâneos, respectivamente.

Os dados foram analisados pelo método bayesiano. Para as análises considerando-se as regiões do País como ambientes, o comprimento da cadeia de Markov da análise bayesiana multicaráter foi de 510.000 iterações, com descarte amostral dos 10.000 primeiros ciclos e com intervalo amostral de 10 ciclos, enquanto que para a análise unicaráter, o comprimento da cadeia de Markov foi de 210.000 iterações, com descarte das 10.000 primeiras amostras dos ciclos e amostras obtidas a cada 10 ciclos.

Para as análises considerando-se os grupos climáticos dos municípios de São Paulo como ambientes, nas análises bayesianas, o comprimento da cadeia de Markov, em análise multicaráter, foi de 310.000 iterações, com descarte amostral dos 10.000 primeiros ciclos e com intervalo amostral de 10 ciclos, enquanto que na análise

unicaráter o comprimento da cadeia de Markov foi de 210.000 iterações, com descarte das 10.000 primeiras amostras dos ciclos e amostras obtidas a cada 10 ciclos.

O monitoramento da convergência das cadeias de Markov foi feito por meio de análise gráfica dos valores gerados da distribuição a “posteriori”. Dessa forma, se a trajetória de uma única cadeia ao longo das iterações se aproxima de um valor constante, pode-se concluir pela convergência da cadeia (GAMERMAN, 1996). Assim, as convergências das análises foram avaliadas baseando-se na análise de gráficos de traços dos valores das amostras para os componentes de variância genética aditiva e residual versus o ciclo completo da cadeia.

Resultados e Discussão

As análises gráficas foram avaliadas para os componentes de (co)variância genética e residual versus o ciclo da cadeia de Markov, em análises multicaráter e unicaráter e nos ambientes estudados. Os gráficos não exibiram grande dispersão, ou seja, as oscilações apresentaram-se estáveis, por cruzar a linha da média de maneira aleatória, evidenciando que os valores considerados para o descarte amostral e para o tamanho das cadeias nas análises, foram confiáveis, permitindo a convergência destas.

Os resultados das análises multicaráter e unicaráter são apresentados para cada ambiente definido neste estudo, a seguir:

Ambientes definidos como regiões do Brasil

As médias e desvios-padrão observados para os pesos ao sobreano (PS) nas regiões 1, 2, 3 e 4, foram iguais a 280 kg \pm 57 kg, 260 kg \pm 56 kg, 287 kg \pm 54 kg, e 263 kg \pm 55 kg, e os intervalos de pesos máximos e mínimos observados foram [125-465], [109-480], [139-480] e [100-476], em kg, respectivamente. A idade dos animais para o PS variou de 375 a 465 dias, ou seja, 12 a 15 meses de idade.

Para a comparação de modelos e correlação genética multicaráter, o arquivo utilizado possuía média e desvio-padrão para PS igual a 268,74 kg \pm 57,11 kg, com média de idade ao sobreano igual a 420 dias. Na Tabela 1, são apresentados os componentes de variância, as herdabilidades e os valores das funções de verossimilhança, obtidos para o modelo completo e o modelo reduzido, ou seja, com e sem o efeito aleatório não correlacionado touro-região, para o peso ao sobreano.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade e valor das funções de verossimilhança, obtidos para os modelos completo e reduzido para o peso ao sobreano.

Modelo completo					Modelo reduzido				λ
σ_a^2	σ_{te}^2	σ_e^2	h^2	$2\log L_c$	σ_a^2	σ_e^2	h^2	$2\log L_R$	
187,88	36,19	994,06	0,15	-103.120	243,00	965,18	0,20	-103.143	23**

σ_a^2 , σ_e^2 , σ_{te}^2 , h^2 : estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, residual, de touro - região e herdabilidade, respectivamente. L= Likelihood; λ = teste de razão de verossimilhança, ** P=0,001.

O valor da função de verossimilhança aumentou com a inclusão do efeito não correlacionado de touro-região (modelo completo), indicando ser este modelo melhor que o modelo reduzido. A comparação destes modelos mostrou diferença significativa entre ambos, pelo teste de razão de verossimilhança. Dessa forma, o efeito touro-região deve ser incluído no modelo de análise genética.

O efeito não correlacionado de touro-região (modelo completo) absorveu parte da variação genética aditiva direta, fazendo com que a estimativa de herdabilidade do PS fosse menor para este modelo. ALENCAR et al. (2005) e MASCIOLI et al. (2006) também observaram mudanças nos componentes de variância aditiva direta e residual do peso à desmama de bovinos Canchim nascidos em diferentes semestres do ano.

Estes resultados indicam que o componente de variância de touro-região teve influência sobre o peso ao sobreano, sugerindo a existência de interação genótipo-região para esta característica.

Na Tabela 2 são apresentadas as médias das estimativas dos componentes de (co)variância, de herdabilidade e correlação genética dos pesos ao sobreano, para o estudo da interação genótipo–região, em análise multicaráter.

As estimativas de herdabilidade para o peso ao sobreano encontradas nas regiões 1, 2, 3 e 4 foram baixas, sendo o maior valor na região 1 (Paraná) que, dentre as regiões estudadas, geralmente, possui ambiente de clima mais ameno, podendo ser este um fator de influência na expressão do peso ao sobreano, já para as regiões 2 (São Paulo), 3 (Minas Gerais) e 4 (Mato Grosso e Mato Grosso do Sul), as estimativas de herdabilidade foram próximas. RIBEIRO et al. (2007) encontraram herdabilidades maiores em dois rebanhos no Estado de São Paulo e em rebanho do Mato Grosso do Sul para o peso ao sobreano em bovinos Nelore. No presente estudo, houve alterações nos componentes de variância genética, residual e nas estimativas de herdabilidade para o peso ao sobreano, apesar dos intervalos de credibilidade apresentarem valores sobrepostos para estas estimativas.

As estimativas de correlação genética entre os pesos ao sobreano das regiões 1, 2, 3 e 4 variaram de baixa a moderada magnitude, todas inferiores a 0,80, valor estabelecido por ROBERTSON (1959), sugerindo a presença de interação genótipo–região. Desta forma, o peso ao sobreano deve ser tratado como característica diferente nos distintos ambientes, como o sugerido por FALCONER (1952), pois houve evidências de que as expressões fenotípicas dessa característica dependeram dos ambientes em que foram medidas.

O maior valor de correlação genética estimado foi entre as regiões 1 e 2, o que sugere, dentre os ambientes propostos, menor distinção de influência sobre os genótipos entre os Estados do Paraná e de São Paulo, com conseqüente expressão de parte dos mesmos grupos de genes para a manifestação do peso ao sobreano, sobretudo com caracterização de interação genótipo-ambiente..

Tabela 2. Médias das estimativas dos componentes de (co)variância, herdabilidade (h^2), correlação genética (r_a) e intervalos de credibilidade (IC) do peso ao sobreano de bovinos Canchim nas regiões do Brasil, obtidas de análise multicaráter.

Item	Média \pm Desvio-padrão	IC ¹
$\sigma_{a_1}^2$	384,43 \pm 85,87	[242,51 a 575,03]
$\sigma_{a_{1,2}}$	171,64 \pm 63,84	[44,58 a 293,72]
$\sigma_{a_{1,3}}$	52,54 \pm 65,23	[-78,56 a 180,78]
$\sigma_{a_{1,4}}$	77,62 \pm 68,89	[-63,47 a 216,83]
$\sigma_{a_2}^2$	288,78 \pm 46,21	[202,38 a 382,87]
$\sigma_{a_{2,3}}$	26,04 \pm 63,92	[-96,99 a 151,74]
$\sigma_{a_{2,4}}$	98,44 \pm 55,07	[-17,08 a 209,32]
$\sigma_{a_3}^2$	273,61 \pm 63,31	[167,29 a 410,63]
$\sigma_{a_{3,4}}$	18,95 \pm 61,60	[-102,04 a 130,80]
$\sigma_{a_4}^2$	274,40 \pm 61,92	[163,89 a 403,76]
$\sigma_{e_1}^2$	939,49 \pm 76,35	[780,35 a 1082,41]
$\sigma_{e_2}^2$	930,76 \pm 40,24	[851,21 a 1009,57]
$\sigma_{e_3}^2$	995,10 \pm 54,58	[884,96 a 1097,48]
$\sigma_{e_4}^2$	817,23 \pm 54,50	[707,66 a 920,16]
h_1^2	0,29 \pm 0,05	[0,18 a 0,41]
h_2^2	0,23 \pm 0,03	[0,16 a 0,30]
h_3^2	0,21 \pm 0,04	[0,13 a 0,31]
h_4^2	0,25 \pm 0,05	[0,15 a 0,35]
$r_{a_{1,2}}$	0,51 \pm 0,16	[0,14 a 0,76]
$r_{a_{1,3}}$	0,16 \pm 0,19	[-0,24 a 0,53]
$r_{a_{1,4}}$	0,24 \pm 0,20	[-0,18 a 0,61]
$r_{a_{2,3}}$	0,09 \pm 0,22	[-0,34 a 0,50]
$r_{a_{2,4}}$	0,35 \pm 0,18	[-0,06 a 0,65]
$r_{a_{3,4}}$	0,07 \pm 0,22	[-0,36 a 0,46]

σ_a^2 e σ_e^2 – estimativa do componente de variância aditiva direta e residual, σ_a - estimativa de covariância genética aditiva; σ_e - σ_a - estimativa de covariância residual; ¹ 99%.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de herdabilidade do peso ao sobreano pertencente às diferentes regiões do Brasil, obtidas em análises unicaráter.

Os componentes de variância genética aditiva e as estimativas de herdabilidade para as regiões estudadas foram baixas, e próximas ou menores comparadas às estimativas da análise multicaráter. Este resultado aponta para estimativas mais adequadas com o uso de matrizes de covariância fenotípica do peso ao sobreano nas diferentes regiões.

Tabela 3. Médias das estimativas dos componentes de variância, de herdabilidade e intervalos de credibilidade (IC) para o peso ao sobreano de bovinos Canchim, nas diferentes regiões do Brasil, obtidas de análises unicaráter.

Variáveis	Média ± Desvio-padrão	IC ¹
$\sigma_{a_1}^2$	324,65 ± 90,22	[169,18 a 519,57]
$\sigma_{a_2}^2$	282,39 ± 49,68	[190,87 a 385,14]
$\sigma_{a_3}^2$	236,31 ± 68,88	[119,45 a 383,89]
$\sigma_{a_4}^2$	220,29 ± 65,22	[104,67 a 359,32]
$\sigma_{e_1}^2$	984,58 ± 81,81	[817,03 a 1140,00]
$\sigma_{e_2}^2$	935,77 ± 42,79	[850,11 a 1018,47]
$\sigma_{e_3}^2$	1.020,18 ± 59,40	[900,72 a 1131,16]
$\sigma_{e_4}^2$	855,41 ± 58,12	[738,05 a 964,93]
h_1^2	0,25 ± 0,06	[0,13 a 0,38]
h_2^2	0,23 ± 0,03	[0,15 a 0,30]
h_3^2	0,18 ± 0,05	[0,09 a 0,29]
h_4^2	0,20 ± 0,05	[0,09 a 0,32]

σ_a^2 – estimativa do componente de variância aditiva, σ_e^2 – estimativa do componente de variância residual, h^2 estimativa de herdabilidade, ¹ 99%.

Os valores genéticos (VG) de todos os animais para o peso ao sobreano nas regiões 1, 2, 3 e 4, obtidos em análise multicaráter, apresentaram médias e desvios-padrão, em kg, de $1,70 \pm 6,92$; $1,33 \pm 6,84$; $0,57 \pm 4,11$ e $0,94 \pm 4,66$, com mínimos e

máximos de [-44,8 a 42,30]; [-32,47 a 54,28] ;[-31,81 a 32,83] e [-32,49 a 52,58], respectivamente.

As correlações de Pearson e de Spearman entre os VG do peso ao sobreano nas regiões 1, 2, 3 e 4, obtidos em análises unicaráter e multicaráter são apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4. Resumo das estimativas das correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos do peso ao sobreano nas regiões do Brasil estudadas.

Correlação	Modelo	Intervalo das estimativas
Pearson	<u>Multicaráter</u>	
	todos animais	0,27 a 0,87
	touros coincidentes	0,40 a 0,90
	<u>Unicaráter</u>	
	touros coincidentes	0,09 a 0,52
Spearman	<u>Multicaráter</u>	
	todos animais	0,53 a 0,92
	touros coincidentes	0,72 a 0,95
	<u>Unicaráter</u>	
	touros coincidentes	0,02 a 0,44

Observaram-se alterações nas intensidades das relações entre os valores genéticos e mudanças nas classificações dos genótipos de todos os animais para o peso ao sobreano, entre as diferentes regiões estudadas. A maior associação dos valores genéticos foi entre as regiões 1 e 2, já evidenciada pela maior correlação genética encontrada dentre as regiões estudadas. A menor associação foi entre as regiões 3 e 4, regiões com a menor correlação genética estimada. Da mesma forma, a semelhança de ordenação (Spearman) entre os valores genéticos foi maior entre as regiões 1 e 2 e menor entre 3 e 4.

Para touros coincidentes nas regiões, as correlações de Pearson e de Spearman também apontaram alterações nas associações entre os VG e mudanças no ordenamento destes para o peso ao sobreano. Estes resultados mostram que a presença da interação genótipo–região implicou na reclassificação dos animais, desta forma, o melhor animal avaliado em uma região para o peso ao sobreano, não necessariamente o será em outra região deste estudo.

Ambientes definidos como grupos climáticos de municípios do Estado de São Paulo

A média e o desvio-padrão observados do peso ao sobreano (PS) foram 269 ± 59 kg, 274 ± 55 kg e 248 ± 52 kg para os grupos 1, 2 e 4, respectivamente. Pôde-se observar que as médias de PS foram influenciadas pelo clima dos grupos, de modo que o clima mais quente (grupo 4) apresentou média mais baixa de peso ao sobreano, o inverso ocorrendo com o grupo 2, que possuiu o clima mais frio e maior média de peso ao sobreano, indicando a influência das variáveis climáticas sobre o desempenho dos animais nos diferentes grupos avaliados. PORTUGAL et al. (2000) verificaram em sua pesquisa que a temperatura e a umidade relativa do ar têm influência no comportamento alimentar de bovinos, o que pode ser um fator de influência no peso do animal. As medidas de peso ao sobreano mínimas e máximas foram de 130 kg e 465 kg, 140 kg e 470 kg, e 109 kg e 470 kg, e as médias da idade ao sobreano foram iguais a 419 ± 23 , 418 ± 26 e 417 ± 25 dias de idade para os grupos 1, 2 e 4, respectivamente, com mínimo e máximo iguais a 375 e 465 dias.

A média e o desvio-padrão do peso ao sobreano observado no arquivo de análise utilizado para o método da comparação de modelos e de correlação genética foi $260,48 \pm 56,63$ kg, com média de idade ao sobreano de 418 dias. Na Tabela 5, são apresentados os componentes de variância, as herdabilidades e os valores das funções de verossimilhança, obtidos para o modelo completo e o modelo reduzido, ou seja, com e sem o efeito não correlacionado touro-grupo.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade e valor das funções de verossimilhança, obtidos para os modelos completo e reduzido para o peso ao sobreano.

Modelo completo					Modelo reduzido				λ
σ_a^2	σ_{te}^2	σ_e^2	h^2	-2logL	σ_a^2	σ_e^2	h^2	-2logL	
217,46	24,76	956,80	0,18	46.533	253,12	937,42	0,21	46.536	3 ^{ns}

σ_a^2 , σ_e^2 , σ_{te}^2 , h^2 : estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, residual e de touro – região, herdabilidade do peso ao sobreano, respectivamente; L = Likelihood; λ = teste de razão de verossimilhança, ^{ns} P=0,05.

A comparação entre os modelos completo e reduzido apresentou diferença não significativa pelo teste de razão de verossimilhança. Este resultado indicou que o efeito touro-grupo não possuiu relevância quando incluído no modelo, sugerindo a ausência de interação genótipo-grupo para o peso ao sobreano. No entanto, em razão da diversidade ambiental evidente entre rebanhos de municípios, deve-se analisar a influência ambiental na expressão desta característica, o que torna importante o uso de outras metodologias para a investigação da presença ou ausência desta interação.

Na Tabela 6, são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância, dos coeficientes de herdabilidade e das correlações genéticas, via análise multicaráter, do peso ao sobreano pertencente aos grupos de municípios paulistas.

As estimativas de herdabilidade encontradas para os grupos de municípios paulistas 1, 2 e 4 foram baixas a moderadas. Estes valores foram menores do que os encontrados por MASCIOLO et al. (2006) e ALENCAR et al. (2005) em estudos de interação genótipo-ambiente para a característica peso aos 12 meses de idade de bovinos Canchim. No entanto, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade encontradas neste estudo estão coerentes com a literatura que, para pesos em várias idades, e diferentes raças, apresentam-se com magnitudes que variam de baixa a alta (LÔBO et al., 2000).

O grupo 2, de clima mais frio, apresentou maior herdabilidade de peso ao sobreano comparado aos demais. O inverso pôde ser observado pelas menores herdabilidades encontradas em ambientes mais quentes (grupo 1 e grupo 4).

As correlações genéticas estimadas foram de baixa a moderada magnitude, e inferiores a 0,80, sugerindo, segundo ROBERTSON (1959), a presença de interação genótipo-grupo, por indicarem que os desempenhos de peso ao sobreano dos animais nos diferentes grupos não foram os mesmos.

Os resultados sugerem que ambientes de clima mais ameno são passíveis de maior resposta à seleção para peso ao sobreano de bovinos Canchim, como também apontam que a presença da interação genótipo-grupo para esta característica foi mais expressiva quando as médias dos valores das variáveis climáticas foram mais distantes entre os grupos correlacionados.

Tabela 6. Médias das estimativas de (co)variâncias genética, residual, herdabilidade, correlação genética e intervalos de credibilidade (IC) do peso ao sobreano nos grupos de municípios paulistas.

Variáveis	Média ± Desvio-padrão	IC ¹
$\sigma_{a_1}^2$	247,09 ± 67,36	[135,11 a 399,30]
$\sigma_{a_{1,2}}$	112,63 ± 87,72	[-50,89 a 284,63]
$\sigma_{a_{1,4}}$	90,39 ± 59,51	[-27,69 a 210,80]
$\sigma_{a_2}^2$	457,81 ± 107,53	[278,04 a 700,89]
$\sigma_{a_{2,4}}$	41,10 ± 94,82	[-146,02 a 214,46]
$\sigma_{a_4}^2$	274,67 ± 61,50	[164,80 a 404,69]
$\sigma_{e_1}^2$	1.011,80 ± 64,88	[877,39 a 1132,26]
$\sigma_{e_2}^2$	839,50 ± 88,13	[657,01 a 1006,37]
$\sigma_{e_4}^2$	861,69 ± 53,04	[754,75 a 962,13]
h_1^2	0,20 ± 0,05	[0,10 a 0,30]
h_2^2	0,35 ± 0,07	[0,22 a 0,51]
h_4^2	0,24 ± 0,05	[0,14 a 0,34]
$r_{a_{1,2}}$	0,33 ± 0,23	[-0,17 a 0,70]
$r_{a_{1,4}}$	0,35 ± 0,20	[-0,10 a 0,69]
$r_{a_{2,4}}$	0,12 ± 0,26	[-0,37 a 0,58]

σ_a^2 – estimativa do componente de variância aditiva, σ_e^2 – estimativa do componente de variância residual, σ_a - estimativa da covariância aditiva; h^2 estimativa da herdabilidade; r_a estimativa da correlação genética; ¹ 99%.

Na análise unicaráter, os componentes de variância genético aditivo e as estimativas de herdabilidade para o peso ao sobreano dos grupos 1, 2 e 4, foram iguais ou menores comparados à análise multicaráter, e também há evidência de maior resposta à seleção em ambientes mais amenos (grupo 2), como é mostrado na Tabela 7.

Os valores genéticos (VG) do peso ao sobreano, obtidos para todos os animais, em análise multicaráter, apresentaram médias e desvios-padrão, em kg, de $0,51 \pm 5,06$; $0,88 \pm 6,79$ e $0,61 \pm 6,02$, com mínimos e máximos de [-27,14 a 32,99], [-38,85 a 51,44], [-32,37 a 36,53], para os grupos de municípios paulistas 1, 2 e 4, respectivamente.

Tabela 7. Médias das estimativas dos componentes de variância, de herdabilidade e intervalos de credibilidade (IC) para o peso ao sobreano de bovinos Canchim, nos diferentes grupos de municípios paulistas, obtidas em análises unicaráter.

Variáveis	Média ± Desvio-padrão	IC ²
$\sigma_{a_1}^2$	178,48 ± 63,12	[77,34 a 322,92]
$\sigma_{a_2}^2$	474,11 ± 112,72	[275,00 a 717,00]
$\sigma_{a_4}^2$	233,92 ± 65,15	[118,00 a 375,00]
$\sigma_{e_1}^2$	1066,41 ± 63,47	[935,20 a 1187,53]
$\sigma_{e_2}^2$	825,24 ± 91,48	[643,00 a 1.000,00]
$\sigma_{e_4}^2$	890,73 ± 57,08	[774,00 a 999,00]
h_1^2	0,14 ± 0,04	[0,06 a 0,25]
h_2^2	0,36 ± 0,07	[0,22 a 0,52]
h_4^2	0,20 ± 0,05	[0,11 a 0,32]

σ_a^2 – estimativa do componente de variância aditiva, σ_e^2 – estimativa do componente de variância residual, h^2 estimativa de herdabilidade; ¹ 99%.

Os valores genéticos (VG) do peso ao sobreano, obtidos para todos os animais, em análise multicaráter, apresentaram médias e desvios-padrão, em kg, de $0,51 \pm 5,06$; $0,88 \pm 6,79$ e $0,61 \pm 6,02$, com mínimos e máximos de [-27,14 a 32,99], [-38,85 a 51,44], [-32,37 a 36,53], para os grupos de municípios paulistas 1, 2 e 4, respectivamente. As correlações de Pearson e de Spearman entre os VG dos grupos são apresentados na Tabela 8.

Tabela 8. Resumo das estimativas das correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos do peso ao sobreano dos grupos de municípios paulistas.

Correlação	Modelo	Intervalo das estimativas
Pearson	<u>Multicaráter</u>	
	todos animais	0,43 a 0,72
	touros coincidentes	0,39 a 0,78
	<u>Unicaráter</u>	
	touros coincidentes	0,27 a 0,64
Spearman	<u>Multicaráter</u>	
	todos animais	0,69 a 0,85
	touros coincidentes	0,42 a 0,75
	<u>Unicaráter</u>	
	touros coincidentes	0,12 a 0,47

Foi evidenciada a presença de interação genótipo–grupo por meio das alterações das intensidades das relações entre os valores genéticos (VG) do peso ao sobreano, e pela mudança na ordem de classificação dos animais nos diferentes grupos. As correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos nos grupos 1 e 4 e 2 e 4 apresentaram a maior e menor associação, respectivamente, já evidenciada pela maior e menor correlação genética entre o peso ao sobreano nestes ambientes. As correlações de Spearman apontaram maior semelhança de ordenação dos VG entre os grupos 1 e 2 e entre os grupos 1 e 4. Para touros coincidentes as associações e as classificações dos VG acompanharam a ordem da avaliação feita para todos os animais.

Conclusões

Há interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano na raça Canchim, tanto quando a classificação do ambiente é por Estado da Federação quanto por grupo de cidades do Estado de São Paulo, apontando para a necessidade do uso de avaliação genética regional para esta característica na raça Canchim.

Devem-se escolher os reprodutores Canchim apropriados aos ambientes estudados, para a característica peso ao sobreano.

Referências

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.421-427, 2005.

BOLDMAN, K.G. et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances** (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1993. 120 p.

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

CARVALHO, F.M. **Estudo de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama na raça Canchim**. São Carlos, 2007. 57f. Dissertação (Mestrado em Genética e Evolução) – Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos.

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

GAMERMAN, D. **Simulação estocástica via cadeias de Markov**. Caxambu: ABE, 1996. 196 p

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontário: University of Guelf, 1984. 462p.

LÔBO, R.N.B., MADALENA, F.E., VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, n.6, p.433-462, 2000.

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

MOOD, A.M.; GRAYBILL, F.A.; BOES, D.C. Tests of hypotheses. In: MOOD, A.M., GRAYBILL, F.A., BOES, D.C (Ed.). **Introduction to the theory of statistics**. Tokio: McGraw-Hill, 1974. p.401-470.

PORTUGAL, J.A.B.; PIRES, M.F.A.; DURÃES, M.C. Efeito da temperatura ambiente e da umidade relativa do ar sobre a freqüência de ingestão de alimentos e de água e de ruminação em vacas da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n. 2, p. 154-159, 2000.

RIBEIRO, S. et al. **Influência da interação genótipo-ambiente sobre a classificação de touros Nelore selecionados para a característica peso ao sobreano**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44, 2007, Jaboticabal. **Anais...**Jaboticabal: SBZ, 2007. CD-ROM.

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

ROSO, V.M; SCHENKEL, F. S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, Brazil. **Proceedings...** Belo Horizonte: WCGALP. CD-ROM.

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

CAPÍTULO 4 – INTERAÇÃO GENÓTIPO–AMBIENTE PARA PESO AO SOBREANO DE BOVINOS CANCHIM POR MEIO DE NORMAS DE REAÇÃO

Interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano de bovinos Canchim por meio de normas de reação

RESUMO – As normas de reação podem apontar a presença de interação genótipo-ambiente pelas alterações nos desempenhos dos animais em função do ambiente. Assim, é possível descrever mudanças graduais e contínuas de características sobre um gradiente ambiental. O objetivo foi investigar a presença de interação genótipo–ambiente (IGA), via normas de reação obtidas por regressão aleatória e usando abordagem bayesiana, para a característica peso ao sobreano (PS) em bovinos da raça Canchim. Assim, as normas de reação foram usadas para descrever mudanças no valor dos genótipos dos animais sobre um gradiente ambiental para a característica PS. Para isto, o modelo hierárquico de normas de reação incluiu o efeito fixo da idade ao sobreano do animal (covariável, efeito linear), os efeitos aleatórios genéticos (intercepto ou nível e inclinação da norma de reação do animal) e o efeito aleatório (grupo de contemporâneos). O gradiente ambiental foi estimado simultaneamente com a norma de reação, por meio dos desvios médios de peso ao sobreano dos grupos de contemporâneos em relação à média da população, e apresentou intervalo de [-105 a 150] kg. A variância genética aditiva direta e a herdabilidade estimadas foram crescentes no gradiente ambiental, e variaram de [74,33 a 1.922,59] e [0,08 a 0,68], respectivamente. A alta correlação genética entre o intercepto e a inclinação da norma de reação (0,90) apontou que os animais de maior média de valor genético foram os que mais responderam às melhorias no ambiente, caracterizando o efeito de escala em interação genótipo–ambiente. A sensibilidade ambiental, observada por meio das magnitudes das inclinações das normas de reação dos animais, evidenciou expressão dos genótipos passíveis de alteração ao longo do

gradiente ambiental. Dessa forma, os resultados apresentados apontam para a importância de se considerar nas avaliações genéticas desta população a interação genótipo–ambiente, com o uso de normas de reação que permitem prever desempenhos em ambientes diversos, aumentando a precisão de seleção dos animais nestes ambientes.

Palavras-Chave: bovinos de corte, interação genótipo–ambiente, peso ao sobreano

Introdução

Os programas de melhoramento animal utilizam da seleção e dos sistemas de acasalamento para alcançarem progressos genéticos de características desejáveis nas futuras gerações. A ação gênica aditiva e a não aditiva, respectivamente, são os principais mecanismos utilizados nestas duas estratégias de melhoramento, pois representam a composição e a combinação genética dos animais. No entanto, o ambiente atua em conjunto com as ações gênicas, por isso a expressão de uma característica depende não apenas dos genes e suas interações, mas também do ambiente e da interação genótipo–ambiente.

A presença da interação genótipo–ambiente (IGA) pode provocar alteração nos fenótipos dependendo do ambiente em que estes são avaliados. Desta forma, o ordenamento do desempenho dos animais pode ser alterado quando as diferenças fenotípicas entre os genótipos variam de ambiente para ambiente (FALCONER & MACKAY, 1996). Sendo assim, o estudo da IGA visa investigar se este efeito está presente nas características de importância econômica de populações bovinas e, se constatado, ser considerado nos programas de melhoramento animal a fim de não retardar a resposta à seleção.

Por meio de modelo de normas de reação, a interação genótipo–ambiente de uma característica pode ser investigada pela descrição de sua variação contínua sobre um gradiente ambiental (KOLMODIN, 2003). Este estudo é feito por meio de funções de covariância, que foram propostas por KIRKPATRICK et al. (1990) para a análise de dados longitudinais, como as medidas de peso, em que os autores ressaltam a equivalência destas funções às matrizes de covariâncias dos modelos multicaráter de dimensão finita. As funções de covariância são obtidas via modelos de regressão aleatória, e possibilitam determinar a norma de reação dos animais às variações gradativas no ambiente de produção, indicando os desempenhos dos genótipos em cada extrato do gradiente ambiental (KIRKPATRICK et al., 1990).

Em bovinos de corte no Brasil, esta abordagem foi recentemente utilizada com sucesso por CARDOSO et al. (2007) e CORRÊA (2007), para o ganho de peso pós-

desmama de bovinos das raças Angus e Devon, respectivamente. O objetivo nesse estudo foi investigar a presença de interação genótipo–ambiente, por meio de um modelo hierárquico das normas de reação aplicado sobre a característica peso ao sobreano de bovinos Canchim.

Material e Métodos

O arquivo de dados utilizado neste trabalho é de bovinos da raça Canchim criados no Brasil, participantes do programa de avaliação genética desta raça, executado pelo programa de melhoramento Embrapa-Genepplus, em convênio com a Associação Brasileira de Criadores de Canchim.

Na edição e consistência do conjunto de dados foram formados grupos de contemporâneos (GC) com informações de ano e estação de nascimento do animal, sexo, grupo genético da mãe, propriedade de cria, propriedade à desmama, regime alimentar à desmama, propriedade ao sobreano e regime alimentar ao sobreano. A estação de nascimento foi formada a partir dos intervalos de meses: 1- setembro-novembro, 2- dezembro-fevereiro, 3- março-maio e 4- junho-agosto. Os regimes alimentares ao desmame e ao sobreano foram divididos em três categorias: 1- pastagem, 2- com suplemento alimentar e 3- confinamento.

Foi calculada a média e o desvio-padrão do peso ao sobreano para cada grupo de contemporâneos, para eliminar dados superiores e inferiores a 3,5 desvios-padrão em relação a esta média, além de serem excluídos GC com menos de quatro informações e touros com menos de dois filhos no arquivo de dados.

A conexão genética entre os grupos de contemporâneos foi avaliada por meio das ligações genéticas entre estes. O grau de conectabilidade baseou-se no número total de laços genéticos diretos entre um grupo de contemporâneos e outro, ocorrido quando existem pais, mães ou algum antepassado comum. Para o teste de conectabilidade foi utilizado o “software” AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006) com, no mínimo, 10 laços genéticos de conectabilidade entre os GC, sob um modelo animal. No

teste de conectabilidade foram encontrados 421 animais de grupos de contemporâneos desconectados, que foram excluídos.

Na Tabela 1 são apresentadas as freqüências de animais conectados nas classes de estação de nascimento, regime alimentar a desmama e regime alimentar ao sobreano, usadas para a formação dos grupos de contemporâneos.

Tabela 1. Freqüência dos animais nas classes das variáveis pertencentes aos grupos de contemporâneos.

Classes	Estação de nascimento	Regime alimentar a desmama	Regime alimentar ao sobreano
1	6.792	12.946	12.471
2	1.816	1.024	1.239
3	1.887	108	368
4	3.583		

Ao final da edição, o arquivo de dados para análise possuía 14.078 observações de peso ao sobreano de animais nascidos no período de 1989 a 2000, com 1.398 grupos de contemporâneos e informações da idade ao sobreano dos animais. Também foi gerado um arquivo de genealogia com 21.788 animais.

Para decidir sobre a inclusão da idade ao sobreano dos animais como covariável no modelo estatístico, com a finalidade de ajustar os pesos ao sobreano, e para se fazer inferência estatística sobre os dados, foi testada a relevância do efeito fixo da idade do animal ao sobreano (linear) e do grupo de contemporâneos (aleatório) sobre a variável dependente (peso ao sobreano), em um modelo proposto para análise de variância de modelos mistos, pelo método da máxima verossimilhança, por meio do procedimento MIXED (SAS, 2003).

A análise dos dados para o estudo da interação genótipo–ambiente do peso ao sobreano foi feita por meio de um modelo hierárquico de normas de reação, em que o valor genético do animal foi obtido por uma função linear (uma norma de reação) do valor ambiental, por meio de regressão aleatória.

A metodologia utilizada possibilitou estimar simultaneamente o gradiente ambiental (X) e a norma de reação (NR), como proposto por SU et al. (2006). A covariável (grupo de contemporâneos) foi considerada desconhecida (“unknowncov”) no

modelo proposto e as soluções para este efeito foram usadas como covariáveis para obter a norma de reação.

Para a obtenção das normas de reação via regressão aleatória, foi utilizado o programa computacional INTERGEN (CARDOSO, 2007). Na análise, foi utilizado um arquivo de parâmetros que continha as informações dos arquivos de dados e de pedigree, como também, dos efeitos fixos (classificatórios e covariáveis) e aleatórios no modelo, além de especificações dos valores iniciais sobre os componentes de variâncias dos efeitos aleatórios, inclusive residuais.

O ambiente estudado foi o grupo de contemporâneos (GC). O modelo hierárquico de normas de reação (MHNR) incluiu o efeito fixo de idade do animal ao sobreano, como covariável (coeficiente linear), o efeito aleatório de grupo de contemporâneos e os efeitos genéticos aditivo do nível (intercepto aleatório da NR do animal) e da inclinação da norma de reação do animal (coeficientes de regressão lineares aleatórios correspondentes a NR do animal ao ambiente), descrito como:

$$y_i = \mu + Eh + Za_i + Hb_i + e$$

Em que:

y_i = peso ao sobreano do animal i ;

μ = média geral dos pesos ao sobreano determinada por uma função linear do efeito fixo da covariável idade do animal ao sobreano com coeficiente linear;

h = efeito aleatório dos valores ambientais (GC);

a_i = coeficiente de regressão linear aleatório correspondente ao intercepto ou nível relativo ao animal i ;

b_i = coeficiente de regressão linear aleatório correspondente à inclinação da norma de reação do animal i ao ambiente;

e = erro aleatório associado às observações;

E, Z, H = matrizes de incidência.

Um ponto fundamental nas análises foi a escolha do modelo a ser utilizado, especialmente quando existia mais de uma alternativa. Sendo assim, dois modelos foram inicialmente propostos (MHNR1, MHNR2) para posterior escolha. Foram assumidas distribuição normal dos dados de peso ao sobreano e pressuposição da variância residual definida como homogênea, $e \sim N(0, S_e^2)$, em MHNR1, e heterogênea $e_{(i)} \sim N(0, S_{e(i)}^2)$, em MHNR2.

As pressuposições a “priori” para as incógnitas definidas nos modelos foram adotar densidade uniforme, para os efeitos fixos e para os efeitos aleatórios correspondentes a q animais, $a = \{a_i\}_{i=1, \dots, q}$ e $b = \{b_i\}_{i=1, \dots, q}$ foram presumidos com distribuição normal de média nula. A matriz de covariância foi diagonal, para o efeito de GC, e para os efeitos genéticos a matriz de covariância foi dada por:

$$V \begin{bmatrix} a \\ b \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{a,b} \\ \sigma_{a,b} & \sigma_b^2 \end{bmatrix} \otimes A$$

Em que:

σ_a^2 e σ_b^2 = variâncias genéticas aditivas do intercepto e da inclinação da norma de reação, respectivamente;

$\sigma_{a,b}$ = covariância genética entre o intercepto e a inclinação da norma de reação;

A = matriz do numerador de parentesco.

Para a matriz de covariância da norma de reação foi adotada uma distribuição de Wishart invertida e Gama invertida para a variância residual.

Com informações do gradiente ambiental (X) estimado por meio das soluções de grupo de contemporâneos (GC), os valores genéticos (VG) ou normas de reação dos animais (i) foram obtidos pela soma do intercepto (a) com o produto do coeficiente de inclinação (b) por X (nível ambiental médio correspondente à solução do grupo de contemporâneos ao qual o registro pertence), possibilitando obter para cada ambiente um valor genético específico de cada animal, pela fórmula:

$$VG_i|X = a_i + b_i X$$

A variância genética aditiva em determinado ambiente ($\sigma_A^2|X$) foi dada por:

$$\sigma_A^2|X = \sigma_a^2 + X^2 \sigma_b^2 \pm 2X\sigma_{a,b}$$

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade (h^2) em diferentes níveis ambientais (X) e a correlação genética entre o intercepto e a norma de reação ($r_{a,b}$) foram obtidas a partir das amostras a “posteriori” dos dados, respectivamente, pelas fórmulas:

$$h_A^2|X = \frac{\sigma_A^2|X}{\sigma_A^2|X + \sigma_e^2}$$

Quando $X=0$ (ambiente médio):

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{(\sigma_a^2 + \sigma_e^2)}$$

$$r_{a,b} = \frac{\sigma_{a,b}}{(\sigma_a \sigma_b)}$$

Em que:

σ_a^2 = estimativa do componente de variância genética aditiva do animal;

$\sigma_{a,b}$ = estimativa de covariância genética de a e b;

σ_e^2 = estimativa do componente de variância do erro;

σ_a e σ_b = estimativas dos desvios-padrão do intercepto (a) e da inclinação da norma de reação (b).

Os intervalos de credibilidade foram obtidos pelo procedimento KDE (kernel density estimator) (SAS, 2003), que usa métodos não paramétricos para estimar a função densidade dos parâmetros, obtendo os “percentis”.

Posteriormente, por meio do programa INTERGEN (CARDOSO, 2007), sob um modelo animal (MA), com efeitos fixos de grupo de contemporâneos e de idade do animal ao sobreano (covariável, linear) e efeitos aleatórios genético e residual, assumindo homogeneidade de variâncias entre os níveis dos efeitos fixos, foram obtidas as estimativas dos efeitos médios de grupo de contemporâneos, para serem comparados com a análise de normas de reação.

A estrutura do arquivo de parâmetros utilizado no MHNR1, MHNR2 e MA é descrita na Tabela 2.

Tabela 2. Descrição do arquivo de parâmetros dos modelos animal (MA) e normas de reação com variâncias residuais homogêneas (MHNR1) e heterogêneas (MHNR2).

	MA	MHNR1	MHNR2
Dados	14.078	14.078	14.078
Pedigree	21.788	21.788	21.788
Efeitos fixos	GC ¹ /IDS ²	IDS ²	IDS ²
Efeito aleatório	genético e residual	GC ³ ,a ⁴ ,b ⁵	GC ³ ,a ⁴ ,b ⁵
Pressuposição: covariância residual	homogênea	homogênea	heterogênea
Pressuposição: efeito aleatório de GC	--	diagonal	diagonal
Pressuposição: efeito aleatório do animal	aditivo direto de animal	aditivo direto de animal	aditivo direto de animal

¹grupo de contemporâneos, ²idade do animal ao sobreano (covariável linear), ³covariável desconhecida, ⁴intercepto (covariável), ⁵inclinação da norma de reação (regressão aleatória), ^{4,5}efeitos aninhados ao animal.

O critério de Informação da Deviance (DIC) foi usado para avaliar o ajuste dos dados dos modelos de normas de reação com variâncias residuais homogêneas (MHNR1) e heterogêneas (MHNR2), e um modelo animal (MA), para posterior escolha do melhor modelo para o estudo da interação genótipo–ambiente da característica peso ao sobreano. Segundo SPIEGELHALTER et al. (1998), o DIC é um meio de comparação de modelos que segue a proposição de DEMPSTER (1974), o qual sugere que comparações entre modelos sejam baseadas de distribuição a “posteriori” da

“deviance” de cada modelo. Isto foi realizado por meio das informações da deviance obtidas no arquivo de saída “loglike_obs” do programa INTERGEN (CARDOSO, 2007), o qual foi gerado do modo a seguir:

A deviance do modelo i foi definida como:

$D(\boldsymbol{\theta})_i = -2\log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}, M_i)$, em que: \mathbf{y} = vetor de dados; $\boldsymbol{\theta}$ = parâmetros desconhecidos do modelo; M_i = modelo i ; $p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}, M_i)$ = função probabilidade.

Um estimador de Monte Carlo, que é uma medida de quão bem o modelo se ajusta aos dados, foi obtido por:

$$\bar{D}(\boldsymbol{\theta})_i = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m -2\log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i)$$

A complexidade do modelo i como número efetivo de parâmetros é dada por:

$pD_i = \bar{D}(\boldsymbol{\theta})_i - D(\bar{\boldsymbol{\theta}})_i$; onde $D(\bar{\boldsymbol{\theta}})_i = -2\log p(\mathbf{y} | \bar{\boldsymbol{\theta}}, M_i)$; $\bar{\boldsymbol{\theta}}$ = média a posteriori dos parâmetros.

Finalmente o DIC foi calculado por:

$$\widehat{DIC}_i = \bar{D}(\boldsymbol{\theta})_i + pD_i$$

Obtiveram-se $\log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i) = \sum_{k=1}^n \log p(y_k | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i)$, e ao final de m ciclos avaliou-se $\bar{\boldsymbol{\theta}} = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \boldsymbol{\theta}^{(j)}$ para obter:

$$D(\bar{\boldsymbol{\theta}})_i = \sum_{k=1}^n -2\log p(y_k | \bar{\boldsymbol{\theta}}, M_i),$$

$$\widehat{DIC}_i = 2\bar{D}(\boldsymbol{\theta})_i - D(\bar{\boldsymbol{\theta}})_i$$

Dessa forma, a escolha do modelo considerou o menor valor de DIC como indicativo de melhor ajuste.

Foi utilizado o programa INTERGEN (CARDOSO, 2007), sob abordagem bayesiana e por meio do método de Monte Carlo via cadeias de Markov (SORENSEN & GIANOLA, 2002), que possuiu um comprimento de cadeia de 210.000 iterações e período de descarte amostral (“burn-in”) das 10.000 primeiras iterações, sendo geradas amostras a cada 10 ciclos (“thinning”), para as três análises.

A convergência das análises foi avaliada baseando-se na análise de gráficos de traço dos valores das amostras para todos os componentes de (co)variância versus o ciclo da cadeia de Markov.

Resultados e Discussão

A média geral e o desvio-padrão da característica peso ao sobreano e da idade ao sobreano (IDS) foram iguais a 267 ± 56 kg, com mínimos e máximos de 100 e 480 kg de peso, e 420 ± 24 dias de idade, com mínimo e máximo iguais a 375 e 465 dias, respectivamente. A média do peso ao sobreano encontrada neste estudo é coerente quando comparada às médias relatadas na literatura para pesos em diferentes idades pós-desmama (MASCIOLO et al., 2006; TEIXEIRA et al., 2006; TORAL et al., 2004; FERREIRA et al., 2001), para bovinos Canchim, cruzados e Nelore, respectivamente.

O resultado do Critério de Informação da Deviance (DIC) usado para avaliar o ajuste dos modelos mencionados e auxiliar na escolha entre MHNR1 e MHNR2, é apresentado na Tabela 3.

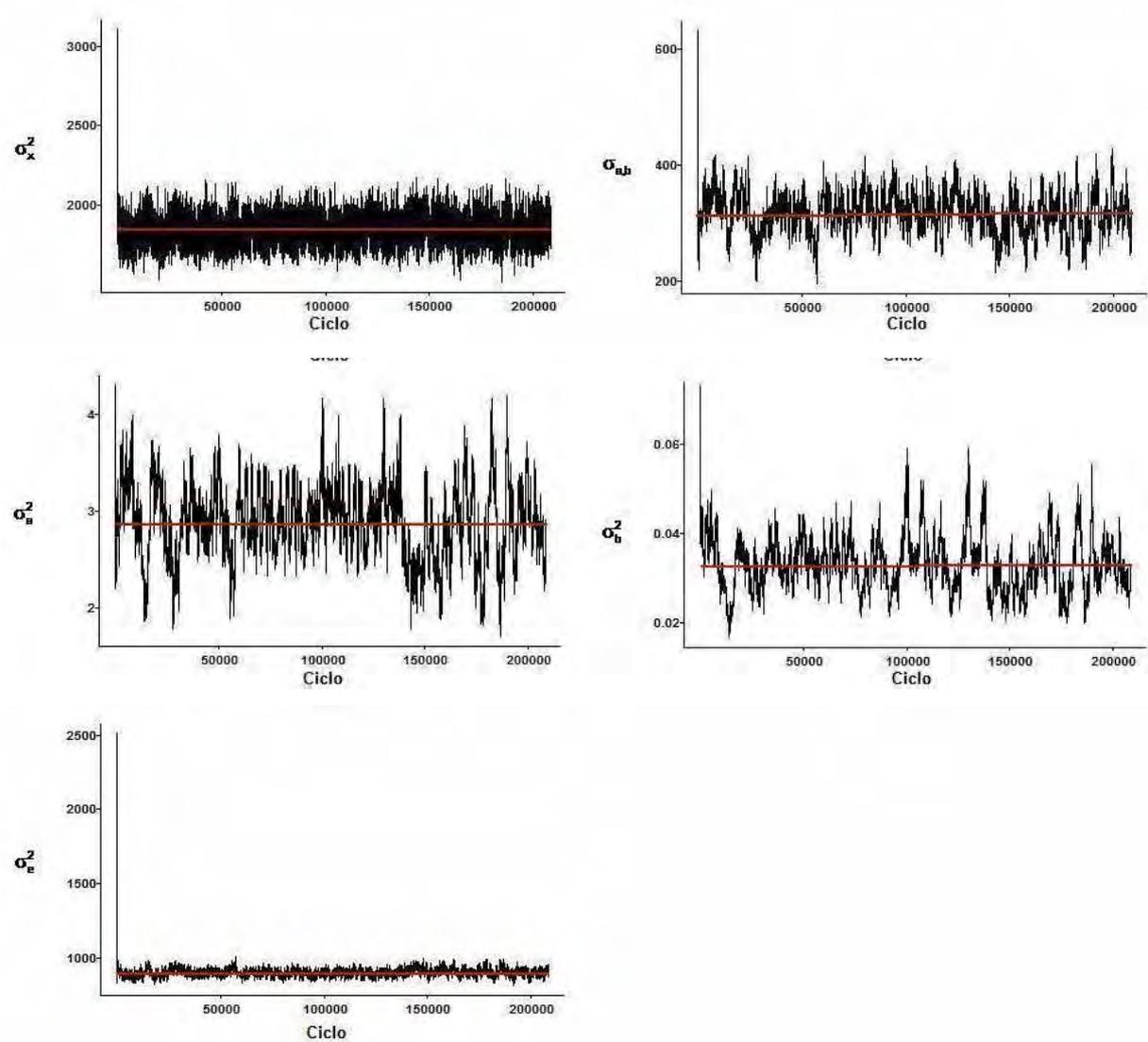
Tabela 3. Resumo da comparação dos modelos homocedástico (MHNR1), heterocedástico (MHNR2) e modelo animal (MA) pelo critério de informação da deviance (DIC).

Modelo	Deviance	PD ¹	DIC
MHNR1	135.827,03	2.305,83	138.132,86
MHNR2	136.139,76	2.050,16	138.189,92
MA	136.710,82	3.432,29	140.143,11

¹ número efetivo de parâmetros do modelo

O DIC do MHNR1 foi menor quando comparado ao MHNR2 e ao MA, mesmo resultado observado por CORRÊA (2007) para ganho de peso pós-desmama em bovinos Devon. Segundo este critério, MHNR1 foi o modelo com melhor ajuste aos dados e, assim, foi o modelo proposto para as análises do estudo da interação genótipo–ambiente via normas de reação. As soluções para GC foram bastante semelhantes entre os três modelos, sendo que a correlação de Pearson entre estas foi 0,99.

A avaliação da convergência da análise do MHNR1 pode ser vista pela Figura 1 em que são apresentados os gráficos de traços dos valores das amostras a “posteriori” dos componentes de (co)variância do grupo de contemporâneos (σ_x^2), do nível ou intercepto (σ_a^2), entre nível e inclinação da norma de reação ($\sigma_{a,b}$), da inclinação da norma de reação (σ_b^2) e do resíduo (σ_e^2) versus o ciclo da cadeia, incluindo a média como referência no gráfico.



σ_x^2 = estimativa do componente de variância de grupo de contemporâneos; $\sigma_{a,b}$ = estimativa de covariância do nível e inclinação da norma de reação; σ_a^2 = estimativa do componente de variância do nível ou intercepto; σ_b^2 = estimativa do componente de variância da inclinação da norma de reação; σ_e^2 = estimativa do componente de variância do erro.

Figura 1. Análise de traço dos componentes de (co)variância versus ciclo.

Na Figura 1 é mostrado que a oscilação da amostra a “posteriori” de σ_x^2 permaneceu constante após o período de descarte amostral, indicando que os valores

iniciais atingiram a distribuição de equilíbrio, onde cruzaram a linha da média sem tendência, evidenciando a convergência da cadeia de Markov. Para σ_a^2 , $\sigma_{a,b}$ e σ_b^2 , houve evidências de que a cadeia se moveu mais lentamente. No entanto, isso pode ser explicado por existir menos informações para estimar estas (co)variâncias genéticas, ou seja, houve apenas uma informação de animal para estimar os três parâmetros. No entanto, as cadeias seguiram o padrão de convergência.

O gradiente ambiental (X) estimado pelo MHNR1 representou os desvios médios de peso ao sobreano dos grupos de contemporâneos (1.398 níveis) em relação à média da população, e teve amplitude de -105 kg a 150 kg, com mediana, média e desvio-padrão, iguais a -3,1 kg, 0,80 e 41 kg, respectivamente. Considerou-se $X=0$ kg como nível ambiental médio de grupo de contemporâneos e como níveis ambientais altos e baixos os valores acima e abaixo do nível médio, como ilustrado na Figura 2.

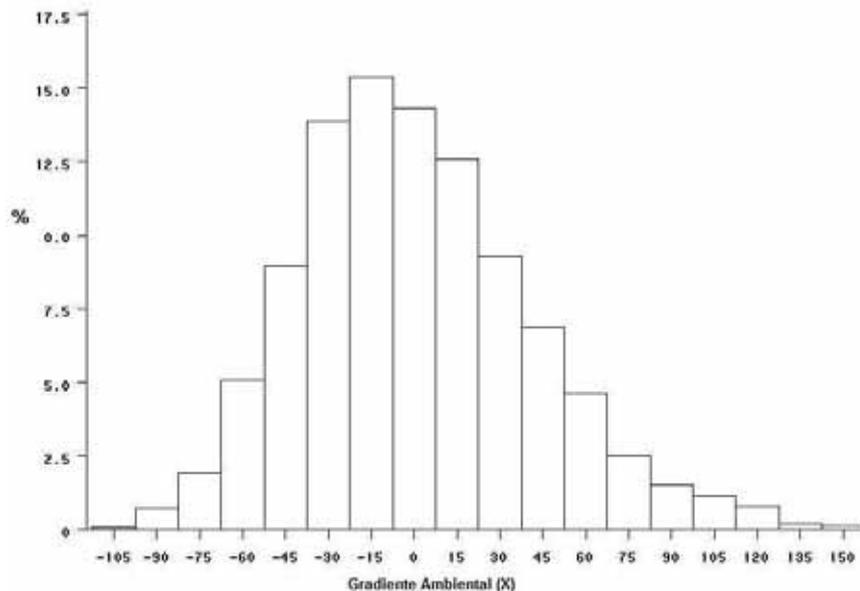


Figura 2. Gradiente ambiental (X) para o peso ao sobreano de bovinos Canchim, via normas de reação.

Estimativas dos componentes de (co)variância obtidas para MHNR1, para o estudo da interação genótipo–ambiente do peso ao sobreano de bovinos Canchim estão relacionadas na Tabela 4. Observaram-se valores próximos das médias, modas e medianas dos componentes de (co)variância, evidenciando simetria na distribuição a “posteriori”, assim, a média pode ser usada como um valor representativo em torno do qual os dados se distribuem. As médias das estimativas a “posteriori” das variâncias genética aditiva direta, da herdabilidade, conforme o ambiente e, da correlação genética entre o intercepto e a inclinação da norma de reação estão apresentadas nas Tabelas 5 e 6.

Tabela 4. Média das estimativas dos componentes de (co)variância para peso ao sobreano de bovinos Canchim, via normas de reação.

Variável	Média	Moda	Mediana	DP ^f	IC ^g	Mínimo	Máximo
σ_x^2 ^a	1.847,00	1.848,90	1.844,88	87,58	1.682,41 a 2.021,66	1.507,00	2.180,00
σ_a^2 ^b	315,65	313,09	316,09	34,40	247,26 a 382,55	192,64	428,81
$\sigma_{a,b}$ ^c	2,88	2,92	2,89	0,38	2,07 a 3,61	1,69	4,21
σ_b^2 ^d	0,03	0,03	0,03	0,00	0,02 a 0,04	0,01	0,05
σ_e^2 ^e	907,36	902,68	906,18	25,64	859,75 a 960,23	810,12	1.014,00

^agrupo de contemporâneos, ^bnível ou intercepto, ^cintercepto e inclinação da NR; ^dinclinação da norma de reação; ^eresidual; ^fdesvio-padrão; ^gintervalo de credibilidade de 95%.

Tabela 5. Média das estimativas a “posteriori” das variâncias genéticas aditivas no gradiente ambiental ($\sigma_A^2 | X$), via normas de reação.

X (kg)	σ_A^2	DP ¹	IC ²
-105	74,33	22,32	[39 a 129]
-90	64,26	15,73	[37 a 99]
-75	69,03	13,79	[44 a 97]
-60	88,66	15,33	[60 a 120]
-45	123,14	18,33	[89 a 161]
-30	172,46	22,17	[131 a 219]
-15	236,64	27,29	[184 a 292]
0	315,66	34,40	[247 a 383]
+15	409,53	44,04	[320 a 491]
+30	518,25	56,50	[401 a 623]
+45	641,82	71,84	[493 a 774]
+60	780,24	90,08	[595 a 949]
+75	933,51	11,19	[707 a 1.144]
+90	1.101,63	135,15	[829 a 1.362]
+105	1.284,60	161,92	[961 a 1.598]
+120	1.482,41	191,50	[1.104 a 1.857]
+135	1.695,08	223,86	[1.257 a 2.136]
+150	1.922,59	258,99	[1.421 a 2.439]

¹ desvio-padrão; ² intervalo de credibilidade de 95%.

Tabela 6. Estimativas médias a “posteriori” das herdabilidades no gradiente ambiental ($h_A^2 | X$), via normas de reação.

X (kg)	h_A^2	DP ²	IC ³
-105	0,08	0,02	[0,04 a 0,12]
-90	0,07	0,01	[0,04 a 0,09]
-75	0,07	0,01	[0,04 a 0,09]
-60	0,09	0,01	[0,06 a 0,12]
-45	0,12	0,01	[0,08 a 0,16]
-30	0,16	0,01	[0,12 a 0,20]
-15	0,21	0,02	[0,16 a 0,25]
0	0,26	0,02	[0,21 a 0,31]
+15	0,31	0,02	[0,25 a 0,36]
+30	0,36	0,03	[0,30 a 0,42]
+45	0,41	0,03	[0,34 a 0,47]
+60	0,46	0,03	[0,39 a 0,52]
+75	0,51	0,03	[0,43 a 0,57]
+90	0,55	0,03	[0,47 a 0,61]
+105	0,58	0,03	[0,50 a 0,64]
+120	0,62	0,03	[0,54 a 0,68]
+135	0,65	0,03	[0,57 a 0,71]
+150	0,68	0,03	[0,60 a 0,73]
$r_{a,b}^1$	0,90		

¹a= intercepto, b=inclinação da NR; ²desvio-padrão; ³intervalo de credibilidade de 95%

Pode-se observar que as médias das estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade foram crescentes no gradiente ambiental (X). Os valores dos coeficientes de herdabilidade nos diferentes ambientes evidenciaram uma atribuição de maior proporção da variação fenotípica aos fatores genético aditivos em relação aos fatores ambientais, conforme aumentou o nível ambiental. Este resultado concorda com outros estudos de normas de reação para características de crescimento e produção de bovinos (CROMIE, 1999; FIKSE et al., 2003; KOLMODIN, 2003; CARDOSO et al., 2005; SU et al., 2006; CARDOSO et al., 2007; CORRÊA, 2007), sendo assim, maior resposta à seleção poderá ser alcançada nos melhores níveis ambientais, como mostrado na Figura 3.

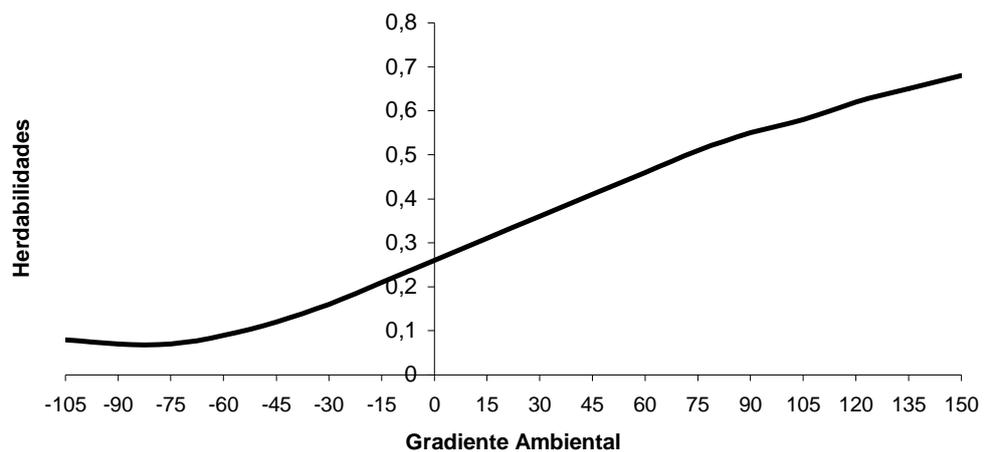


Figura 3. Curva da herdabilidade no gradiente ambiental para peso ao sobreano de bovinos Canchim.

Algumas estimativas de herdabilidade encontradas na literatura para bovinos Canchim foram semelhantes às obtidas neste estudo para altos níveis ambientais, tais como, a relatada por MASCIOLI et al. (2000) com herdabilidade igual a 0,51, para peso aos 365 dias (P12), obtido em estudo de interação genótipo–ambiente. Para a mesma característica, MASCIOLI et al. (2006) encontraram herdabilidades iguais a 0,41 e 0,39 em estudos de IGA, em dois ambientes, respectivamente. MELLO et al. (2006)

estimaram a herdabilidade de 0,63 para a mesma característica. A herdabilidade obtida por meio do modelo animal neste estudo foi igual a 0,20, valor próximo ao ambiente médio estimado no MHNR1.

A correlação entre o intercepto (a) e a inclinação da norma de reação (b) (Tabela 6) foi alta, indicando que os animais de maior valor genético para peso ao sobreano foram os que mais responderam à melhoria do ambiente, evidenciando a presença da interação genótipo–ambiente (IGA). Esse resultado caracteriza o efeito de escala (FALCONER & MACKAY, 1996), ou seja, animais com maior valor genético (VG) para a característica responderam melhor aos altos níveis ambientais, no entanto, em ambientes ruins esses animais também foram mais afetados. Na Figura 4 são ilustradas as normas de reação previstas, de uma amostra da população de bovinos Canchim estudada, tomadas aleatoriamente.

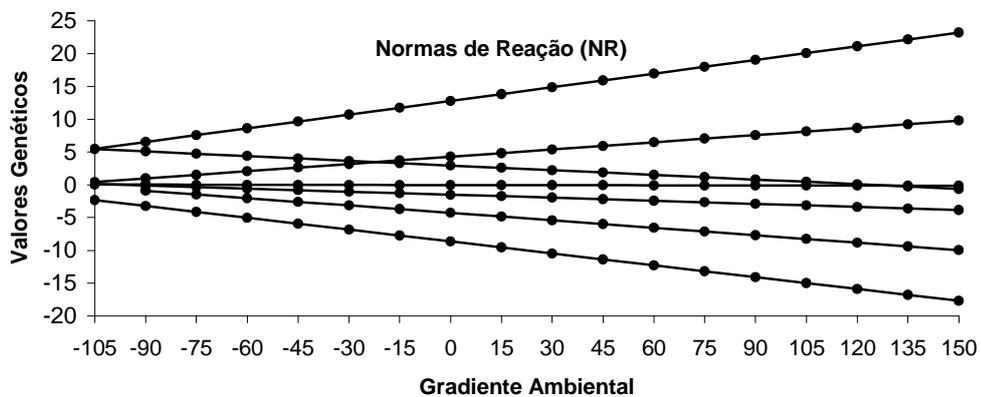


Figura 4. Normas de reação para peso ao sobreano de alguns animais Canchim no gradiente ambiental.

Pode-se observar IGA pela variação dos valores genéticos (VG) dos animais ao longo do gradiente ambiental (norma de reação), como também, indícios de reordenamento na classificação dos genótipos dos animais conforme o nível ambiental. Este mesmo efeito de escala foi também observado por CARDOSO et al. (2005) e

PÉGOLO (2005) estudando ganho em peso pós-desmama e peso aos 550 dias, nas raças Angus e Nelore, respectivamente. As freqüências de inclinação das normas de reação estimadas para cada animal são apresentadas na Figura 5.

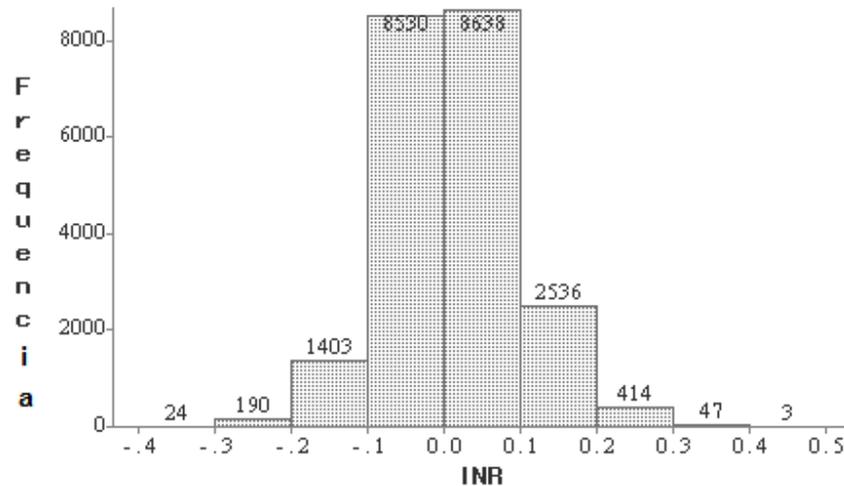


Figura 5. Freqüências da inclinação da norma de reação (INR) em bovinos Canchim.

As freqüências das estimativas da inclinação das normas de reação (INR) apontaram menor incidência de genótipos muito plásticos, sendo estes, genótipos com inclinações mais acentuadas, com extrema sensibilidade às mudanças no ambiente. A incidência de genótipos robustos foi evidenciada pelas menores inclinações, conferindo desempenhos menos sensíveis ao ambiente. No entanto, ficou evidenciada pela Figura 5, que a maioria dos animais apresentou sensibilidade ambiental intermediária, com respostas moderadas dos genótipos às variações ambientais, porém esta plasticidade fenotípica permitiu alterações no mérito genético dos animais ao longo do gradiente ambiental.

O gráfico da superfície da função de correlação genética no gradiente ambiental é apresentado na Figura 6 onde são apontadas altas correlações genéticas entre os diferentes ambientes, apenas decrescendo a 0,8 no caso de ambientes extremamente desfavoráveis, confirmando o efeito de escala, onde há heterogeneidade de variância genética, com re-ordenamento do valor genético dos animais em ambientes de baixo

nível de produção, observado pela correlação de Spearman entre os valores genéticos de todos os níveis ambientais.

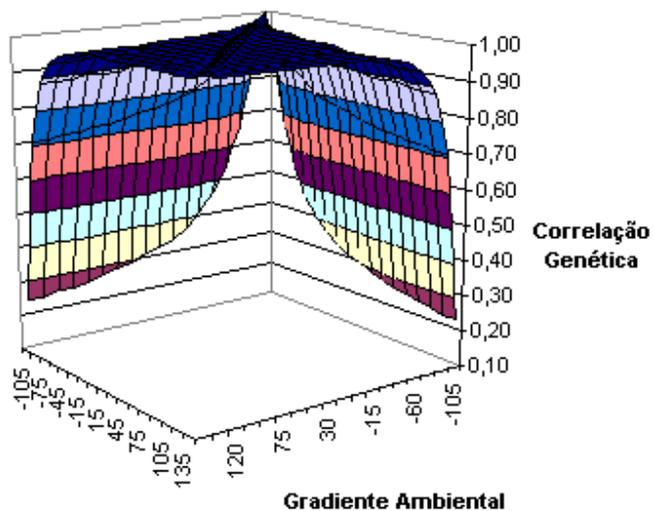


Figura 6. Gráfico de superfície da função de correlação entre os genótipos no gradiente ambiental.

Conclusões

Foi constatada a presença de interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano de bovinos Canchim, sendo esta substancial e essencialmente devido ao efeito de escala.

A herdabilidade da característica peso ao sobreano em bovinos Canchim dependeu do nível ambiental considerado, assim, a resposta à seleção poderá ser diferente para esta característica, conforme o ambiente.

A obtenção da sensibilidade ambiental dos animais deve ser incluída nas avaliações genéticas por ser uma ferramenta capaz de distinguir genótipos susceptíveis a mudanças em sua expressão e, conseqüentemente, nos desempenhos dos animais, conforme o nível ambiental.

Os programas de avaliação genética devem considerar a interação genótipo–ambiente e a heterogeneidade da variância genética no gradiente ambiental, via modelos normas de reação, para aumentar a precisão de seleção e o progresso genético em cada ambiente específico.

Referências

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

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

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

CORRÊA, M.B.B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória.** Pelotas, 2007. 88f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) – Universidade Federal de Pelotas.

CROMIE, A.R. Genotype by environment interaction for milk production traits in Holstein Friesian dairy cattle in Ireland. 1999, PhD Thesis. The Queens University of Belfast.

DEMPSTER, A.P. The direct use of likelihood for significance testing. In: CONFERENCE ON FOUNDATIONAL QUESTIONS IN STATISTICAL INFERENCE. 1974. **Proceedings...** Department of Theoretical Statistics: University of Aarhus, 335-352p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** Harlow: Longman Group Ltd. 1996. 464 p.

FERREIRA, V.C.P. et al. Interação genótipo x ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v.53, n.3, p.385-392, 2001.

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

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, n.4, p.979-993, 1990.

KOMOLDIN, R. **Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding**. Uppsala, Suécia, 2003. 35p. Tese (Doutorado em Animal Breeding and Genetics) - Swedish University of Agricultural Sciences.

KOLMODIN, R. et al. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11–24, 2002.

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

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; MARTINS, E.N. Interação genótipo x ambiente para características de crescimento até os 12 meses de idade em bovinos Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37, 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa:SBZ, 2000.

MELLO, S.P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.92-97, 2006.

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

ROSO, V.M. F. S. SCHENKEL. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, Brazil. **Proceedings...** Belo Horizonte: WCGALP. CD-ROM.

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

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

SPIEGELHALTER, D.J., BEST, N., AND CARLIN, B.P. (1998): Bayesian Deviance, the Effective Number of Parameters, and the Comparison of Arbitrarily Complex Models. Disponível em: <http://citeseer.ist.psu.edu/spiegelhalter98bayesian.html> . Acesso em 08 nov. 2007, 14:10:00.

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

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

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

CAPÍTULO 5 - IMPLICAÇÕES

Baseada em diferentes metodologias e ambientes, a constatação da interação genótipo–ambiente neste estudo evidenciou a necessidade de considerar este componente de variação dos desempenhos de bovinos Canchim nas avaliações genéticas. A associação dos criadores desta raça, que detém as informações dos animais, possui dados de rebanhos localizados em todo o País e que apresentam diferentes estratégias de manejo. Assim, ignorar a interação genótipo–ambiente pode resultar na seleção de reprodutores inadequados para determinada situação.

A aplicação prática da constatação da presença de interação genótipo–ambiente ainda não acompanha o avanço metodológico, tal como, as normas de reação que para cada ambiente obtém um valor genético diferente por animal. Aplicar estes resultados imporá uma árdua reestruturação de estratégias do uso de animais para seleção, além da resistência de aceitação por parte dos detentores dos materiais genéticos, devido os animais em determinado ambiente estarem entre os primeiros e, em outros, entre os últimos genótipos classificados. Entretanto, com o uso desta inovação seria possível caracterizar animais com fenótipos plásticos ou robustos e incluir estas categorias como critérios em índices de seleção. Isto permitiria a escolha de animais que responderiam de maneira positiva a ambientes de nível de manejo alto e vice versa ou de animais com desempenhos pouco variáveis conforme o ambiente.

Ainda, a definição de ambiente de produção para desempenhos de bovinos nos estudos da presença da interação genótipo–ambiente, é também, senão a principal, barreira imposta para a correta aplicação dos resultados destes estudos. Fatores ambientais conhecidos e desconhecidos estão presentes nos sistemas de produção e, mesmo conhecidos, muitas vezes não são controlados, assim, ambientes heterogêneos podem ser denominados semelhantes. Como exemplo, pode-se tomar o presente estudo de interação genótipo–região por meio de um conjunto de dados nacional, em que estados foram definidos como ambiente único, o que seguramente não é verdadeiro. No entanto, na realidade dos arquivos de dados, muitas vezes existem apenas este tipo de possibilidade ambiental. Possíveis correções neste sentido podem

ser realizadas com avaliações genéticas regionais para minimizar a influência dos ambientes sobre a expressão dos genes que manifestarão a característica de interesse. O presente estudo de interação genótipo–grupo é um exemplo de avaliação genética regional com uma exploração mais detalhada de fatores ambientais, onde se definiram ambientes mais homogêneos, por meio da exploração multivariada das variáveis ambientais sobre os municípios do Estado de São Paulo. Por outro lado, com avaliação genética regional, o comércio de animais em diferentes regiões seria dificultado, pois os animais seriam apenas avaliados para sua região. Porém, uma solução seria utilizar as normas de reação para determinar a sensibilidade ambiental dos animais, e assim, prever seus desempenhos fora da região ao qual foi avaliado.

Outra consideração observada neste estudo sobre a definição ambiental foi a sua relevância prática, pois como existe a possibilidade de inúmeras definições de ambientes, a escolha destes deve ser próxima aos ambientes de produção e seleção, para que os resultados sejam aplicáveis na realidade. O gradiente ambiental de grupo de contemporâneos utilizado na metodologia normas de reação deste estudo, por exemplo, esboçou um visível problema de aplicação, uma vez que dificilmente os animais são criados e selecionados por grupos de contemporâneos, assim, suas normas de reação não condizem com os ambientes reais.

Desse modo, sugere-se que o estudo da presença de interação genótipo–ambiente concentre-se não apenas em novas metodologias, que atualmente apresentam grande avanço, mas também na formação dos ambientes de produção e seleção corretos, por meio de métodos modernos e da conscientização da necessidade de expansão de informações ambientais nos arquivos de dados.

Reconhecer estas necessidades metodológicas torna possível e segura a inclusão do componente de variação de interação genótipo–ambiente nas avaliações genéticas das diferentes raças e conseqüente aplicação dos resultados relacionados à presença desta interação.