



Interação genótipo x ambiente sobre o desempenho ponderal de animais da raça Nelore na região Centro-Oeste

[Genotype environment interaction on the weight gain of animals of the Nelore breed in the Midwest]

C.L.R. Santos¹, C.V. Araújo², M.M.M. Laureano², S.I. Araújo², R.B. Lôbo³

¹Programa de pós-graduação - Universidade Federal de Mato Grosso - Sinop, MT

²Universidade Federal de Mato Grosso - Sinop, MT

³Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores - Ribeirão Preto, SP

RESUMO

Utilizaram-se registros de pesos corporais padronizados aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade, provenientes de 30.481 animais da raça Nelore, progênes de 211 reprodutores acasalados com 19.229 matrizes, oriundos de rebanhos dos estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, com o objetivo de avaliar a presença de interação genótipo x ambiente entre os estados. As estimativas de herdabilidade entre os estados variaram de 0,09 a 0,14; 0,11 a 0,17; 0,16 a 0,27 e 0,17 a 0,35, respectivamente, para os pesos 120, 210, 365 e 450 dias de idade. As estimativas de correlação genética aditiva entre a mesma característica para os diferentes estados apresentaram valores inferiores a 0,80. As correlações de Spearman entre os valores genéticos para os pesos corporais se reduziram à medida que se aumentou a intensidade de seleção sobre os reprodutores. A presença de interação genótipo x ambiente causa maior impacto sobre a avaliação genética dos reprodutores sob intensidade de seleção elevada, sendo interessante sua consideração no processo de avaliação genética. Estimativas de tendências genéticas para todos os pesos corporais apresentaram-se crescentes ao longo dos anos nos três estados.

Palavras-chave: gado de corte, parâmetros genéticos, seleção

ABSTRACT

Data of adjusted live weights at 120, 210, 365 and 450 days of age of 30,481 records of animals of the Nelore beef cattle breed from herds of states of Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, and Goiás were used to study the influence of environment genotype interaction on genetic evaluation of sires. Estimates of heritability between the states ranged from 0.09 to 0.14; 0.11 to 0.17; 0.16 to 0.27 and 0.17 to 0.35, respectively for live weights 120, 210, 365 and 450 days of age. The estimates of additive genetic correlation between the same characteristic for the different states presented values lower than 0.80. Spearman correlations between breeding values obtained from live weights of sires lowered as the intensity of selection on sires increased. The presence of environment genotype interaction has greater impact on the genetic evaluation of breeding under high intensity of selection, being an interesting consideration in the process of genetic evaluation. Estimates of genetic trends for all body weights have been increasing over the years in all three states.

Keywords: beef cattle, genetic parameters, selection

INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente (IGA) é conceituada como as diferenças nas respostas dos genótipos submetidos a diferentes ambientes, a

qual, quando presente, pode levar a viés no processo de avaliação genética dos animais, ocasionando alteração no ordenamento dos genótipos deles. A preocupação com a possibilidade de existência da interação genótipo x ambiente e com seu efeito sobre a seleção dos animais não é novidade para os melhoristas. Lush (1945) recomendou que os animais fossem

Recebido em 21 de fevereiro de 2017

Aceito em 25 de janeiro de 2019

E-mail: cleide.ibns@hotmail.com

avaliados nos ambientes em que seriam utilizados. Em face das evidências sobre a interação genótipo x ambiente, Falconer (1952) introduziu o conceito de correlação genética entre as manifestações fenotípicas da mesma característica em ambientes diferentes. Se a correlação da mesma característica, expressa em diferentes ambientes, for próxima da unidade, então os mesmos grupos gênicos atuam de mesma forma em diferentes ambientes, caso contrário, é indício da interação genótipo x ambiente.

Com a evolução das metodologias de avaliação genética animal, tornou-se possível a identificação de genótipos superiores criados em diversas condições ambientais e em distintos sistemas de produção. No entanto, quando presente, a interação do genótipo com o ambiente pode interferir na resposta fenotípica dos indivíduos, tendo em vista que os animais podem apresentar desempenhos superiores ou inferiores em ambientes diferentes (Mascioli *et al.*, 2006).

A interação genótipo x ambiente é de especial interesse quando genótipos superiores em determinado ambiente podem não o ser em outro. Essa interação pode também provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e, por conseguinte, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando a possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente. Portanto, a identificação dessas interações deve contribuir para o aumento da eficiência de seleção em bovinos (Alencar *et al.*, 2005).

Presença de IGA para os pesos indicadores de desenvolvimento ponderal de bovinos Nelore foi verificada por Toral *et al.* (2004), em bovinos Nelore criados em três microrregiões do Mato Grosso do Sul. Os autores constataram evidências desse efeito para os pesos indicadores de desenvolvimento ponderal. Simonelli *et al.* (2004) verificaram também a ocorrência da interação por meio das correlações genéticas em cinco microrregiões do estado do Mato Grosso do Sul e encontraram correlações genéticas entre elas muito baixas, com variações de 0,02 a 0,12 para P365 e 0,05 a 0,12 para P550.

Considerando o efetivo bovino e a importância da região Centro-Oeste para a pecuária nacional,

objetivou-se avaliar a presença do efeito da IGA em características de crescimento de bovinos de corte da raça Nelore na região Centro-Oeste do Brasil e seu impacto na avaliação genética de reprodutores para critérios indicadores do desempenho ponderal na desmama e pós-desmama.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados, para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos dos reprodutores, registros de pesos padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, entre os anos de 1990 a 2013, provenientes de 30.481 animais da raça Nelore, progênes de 211 reprodutores acasalados com 19.229 matrizes, oriundos de 12 rebanhos dos estados de Mato Grosso (2), Mato Grosso do Sul (5) e Goiás (5), participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore – Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP).

Os meses de nascimento dos animais foram agrupados em estações 1 e 2, que corresponderam aos meses de menor e maior incidência de chuvas (de abril a setembro e de outubro a março), respectivamente. Para formação de grupos de contemporâneos, foram utilizadas as classes de efeitos de rebanho, ano e estação de nascimento dos animais, sexo do animal e manejo alimentar do animal.

Para estimação de componentes de variância e posterior predição de valores genéticos dos animais, para os pesos corporais foi adotado modelo para característica única (análise geral), descrito como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + e$$

em que y é um vetor de observações referente ao peso corporal analisado; X é uma matriz de incidência de níveis dos efeitos fixos; β é um vetor de efeitos fixos referentes às classes de grupo de contemporâneos e efeito linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como covariável; Z_1 , Z_2 e Z_3 são matrizes de incidência associadas aos vetores a , p e m , em que a é um vetor de valores genéticos aditivos diretos dos animais, p é um vetor de valores do efeito de ambiente permanente materno, m é um vetor de valores do efeito genético materno e e é um vetor de resíduos da mesma dimensão de y .

Interação genótipo...

Posteriormente, P120 e P210 foram considerados como sendo características distintas em cada estado, sendo, então, estimados os componentes de variâncias e preditos os valores genéticos dos

animais por meio de análise conjunta. O modelo utilizado foi idêntico ao considerado em análise geral, porém considerando a estrutura conjunta como:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{11} & 0 & 0 \\ 0 & Z_{12} & 0 \\ 0 & 0 & Z_{13} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{21} & 0 & 0 \\ 0 & Z_{22} & 0 \\ 0 & 0 & Z_{23} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ p_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

em que os termos dos modelos são os mesmos descritos anteriormente. As pressuposições acerca da distribuição dos vetores y , a , e e são descritas como:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_1 G Z_1' + Z_2 P Z_2' + R & Z_1 G & Z_2 P & R \\ & G & \phi & \phi \\ & P Z_2' & P & \phi \\ & & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que $G=A \otimes G_0$, $P=I \otimes P_0$ e $R=I \otimes R_0$, sendo A a matriz de parentesco entre os indivíduos; I a matriz identidade, de ordem igual ao número de indivíduos; G_0 , P_0 e R_0 as matrizes de (co)variâncias genéticas aditivas diretas, de ambiente permanente materno, efeito genético materno e de ambiente temporário, respectivamente. As covariâncias entre duas características para os efeitos de ambiente permanente e temporário foram consideradas nulas. Para P365 e P450, os mesmos modelos não foram considerados com a inclusão do efeito aleatório genético materno.

Sobre as predições de valores genéticos dos reprodutores em cada característica, foram calculadas as correlações de Spearman, considerando-se somente reprodutores que possuíam proles em rebanhos em pelo menos dois estados. As correlações de Spearman foram obtidas para todos os reprodutores avaliados, bem como para os 100, 75, 50 e 25% dos reprodutores mais bem classificados em análise geral.

Posteriormente, obtiveram-se estimativas de tendências genéticas pela regressão dos valores genéticos dos animais para os pesos corporais em que o reprodutor foi utilizado pela primeira vez, em função do ano de nascimento em análise geral e em cada estado.

Para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, foi utilizado o programa REMLF90 (Misztal, 2015) e, para cálculo de correlações e tendências genéticas, utilizou-se o programa Statistical Analysis System (Statistical...).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de médias para P120, P210 e P450 (Tab. 1) foram superiores às observadas por Matos *et al.* (2013), iguais a $123 \pm 19,0$ kg;

$180 \pm 28,1$ kg e $262,0 \pm 45,5$ kg, respectivamente, foram próximas às estimativas observadas por Lira *et al.* (2013) em animais da raça Nelore, nos estados do Maranhão e Pará, e por Moreira *et al.* (2015), nos estados de Mato Grosso do Sul, Goiás, Rondônia, Minas Gerais e São Paulo.

De forma geral, observam-se menores estimativas de média para os pesos corporais no estado de GO. Estimativas próximas de média de P120 e P210 foram observadas entre os estados de MT e MS, com maiores estimativas para os demais pesos corporais observadas para o MS em relação ao estado de GO e estimativas intermediárias em MT. Esse resultado revela diferenças fenotípicas para o comportamento do desempenho ponderal entre rebanhos dos diferentes estados, com o estado de MS apresentando, supostamente, melhor manejo no período pós-desmama em relação aos outros estados, com obtenção de melhores índices de crescimento ponderal.

As estimativas de herdabilidade do efeito genético aditivo para P120, P210, P365 e P450 assumiram valores entre 0,09 e 0,35 (Tab. 2); estimativas abaixo das relatadas por Boligon *et al.* (2009); Lira *et al.* (2013) e Moreira *et al.* (2015), com estimativas de 0,25 a 0,44 para o

peso ao nascimento até o peso aos 450 dias obtidos em animais da raça Nelore. Por outro lado, valores próximos foram verificados por Silveira *et al.* (2004), com estimativas de 0,17 a 0,30 para peso corporal à desmama e ao sobreano, respectivamente, avaliando-se fêmeas Nelore em um rebanho do Mato Grosso do Sul.

Ao avaliarem animais da raça Nelore de uma empresa Agropecuária do estado de São Paulo, Laureano *et al.* (2011) observaram valores dessas estimativas de herdabilidade iguais a 0,23 e 0,24 para o peso corporal à desmama e peso ao sobreano, respectivamente, valores esses intermediários ao presente estudo.

Tabela 1. Número de registros (N), estimativas de médias (EM) e desvios-padrão (DP) para os pesos corporais aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade em análise geral, para os estados de MT, MS e GO

	P120			P210		
	N	MÉDIA	DP	N	MÉDIA	DP
Geral	29438	129,02	20,00	230332	285,69	27,51
MT	7435	130,10a*	18,30	6009	189,92a	24,67
MS	12337	130,16a	20,03	9491	189,15a	26,40
GO	9666	126,72b	21,00	7532	177,94b	29,33
	PP365			PP450		
	N	MÉDIA	DP	N	MÉDIA	DP
Geral	24318	235,82	40,71	22858	276,24	47,82
MT	6649	236,09a	37,09	6283	275,91a	39,89
MS	9861	243,43b	42,83	9588	284,78b	52,70
GO	7808	225,99c	38,78	6987	264,82c	44,83

* Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de significância.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variâncias, de herdabilidade direta (h^2) e herdabilidade materna (h^2m) para os diferentes pesos corporais em análise geral e nos estados de Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e Goiás (GO)

	Geral	MT	MS	GO
Peso corporal aos 120 dias de idade				
Ambiente permanente materno	42,43	35,74	45,59	39,98
Genético materno	25,68	22,19	29,16	25,39
Genético aditivo	25,55	37,24	30,09	25,17
Ambiental	169,30	164,10	156,70	175,50
h^2	0,10	0,14	0,12	0,09
h^2m	0,10	0,09	0,11	0,10
Peso corporal aos 210 dias de idade				
Ambiente permanente materno	94,38	91,83	93,81	83,88
Genético materno	33,15	38,62	36,73	29,63
Genético aditivo	62,23	86,30	51,96	88,32
Ambiental	313,90	293,80	304,70	318,70
h^2	0,12	0,17	0,11	0,17
h^2m	0,07	0,08	0,08	0,06
Peso corporal aos 365 dias de idade				
Ambiente permanente materno	99,93	102,50	72,05	105,50
Genético aditivo	88,96	141,20	98,71	164,90
Ambiental	406,00	445,00	430,00	337,50
h^{2*}	0,15	0,21	0,16	0,27
Peso corporal aos 450 dias de idade				
Ambiente permanente materno	86,35	102,40	56,10	101,5
Genético aditivo	147,50	123,00	143,00	207,30
Ambiental	474,50	507,40	502,90	383,20
h^{2*}	0,21	0,17	0,20	0,35

Interação genótipo...

Em consequência das diferenças entre estimativas de componentes de variância, para a mesma característica nos diferentes estados, as estimativas de herdabilidade também apresentaram o mesmo comportamento. De forma geral, as estimativas de herdabilidade direta dos pesos corporais aumentaram com o avanço da idade. Exceto para o P120, as estimativas obtidas para os demais pesos corporais no estado de MS foram as mais próximas daquelas obtidas em análise geral. No período pós-desmama, em MS, apesar de maiores estimativas de médias fenotípicas para os pesos corporais, observaram-se, contrastantemente, menores estimativas de herdabilidade para P210, P365 e P450 quando comparadas àquelas de GO. Os animais do estado de MT apresentaram estimativa de herdabilidade para P120 próxima da obtida em MS, para P210 igual à obtida em GO, intermediária aos outros dois estados para P365 e inferior a estes para P450. Tais resultados revelam que o peso corporal, principalmente para os pesos ao ano e ao sobreano, apresenta diferentes expressões de variabilidade genética, com maiores diferenças entre os estados de MS e

GO para P365, e para P450 entre MT e GO, sendo observados em GO maiores valores de estimativas.

As estimativas de herdabilidade materna para P120 e P210 obtidas em análise geral e em cada estado foram todas similares, variando de 0,06 a 0,11, valores similares aos obtidos por Moreira *et al.* (2015), com P120 de 0,09 e P210 de 0,06, e por Silveira *et al.* (2004), com 0,08 no peso à desmama. As estimativas de herdabilidade associadas ao efeito materno na variação fenotípica total para P120 e P210 revelam a necessidade de sua inclusão no modelo para obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos mais acurados.

Todas as estimativas de correlação genética aditiva entre a mesma característica para os diferentes estados apresentaram valores abaixo de 0,80 (Tab. 3), valor sugerido por Robertson (1959) como indicador de presença da interação genótipo x ambiente (IGA). Menores (0,47) e maiores (0,76) estimativas de correlação genética aditiva foram observadas entre MT e MS, para P120 e P450, respectivamente.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas aditivas para o peso corporal em diferentes idades entre os estados de Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e Goiás (GO)

Peso corporal (kg)	MT-MS	MT-GO	MS-GO
120 dias de idade	0,47	0,64	0,53
210 dias de idade	0,65	0,74	0,71
365 dias de idade	0,65	0,55	0,52
450 dias de idade	0,76	0,59	0,67

As estimativas de correlações genéticas indicam que a maioria dos genes responsáveis pela expressão do peso corporal em diferentes idades está agindo de forma não semelhante nos diferentes estados, evidenciando a presença da IGA, e, como consequência, a classificação dos reprodutores em função de seus méritos genéticos pode variar entre os estados.

As diferentes estimativas de herdabilidade associadas a menores estimativas de correlações genéticas aditivas para os pesos corporais entre os estados avaliados indicam que um mesmo peso corporal pode ser considerado como característica diferente entre os estados. Assim, conforme proposto por Falconer (1952), em presença da interação genótipo x ambiente, pode-se inferir que, considerando-se a mesma característica expressa em duas regiões como

características distintas, elas são determinadas por grupos diferentes de genes.

Estimativas de correlações genéticas baixas para pesos do nascimento até o sobreano de bovinos da raça Nelore, envolvendo microrregiões do estado do Mato Grosso do Sul, foram observadas por Toral *et al.* (2004). Lopes *et al.* (2008) também observaram baixas estimativas de correlações genéticas entre pesos corporais ao nascimento, 205 e 550 dias de idade entre estados da região Sul do Brasil. Os autores concluíram que a inclusão da região de nascimento no modelo de análise para avaliações genéticas aumentaria a acurácia da predição do valor genético e sugerem que avaliações genéticas por estado talvez sejam mais eficientes para identificar animais geneticamente superiores.

Em geral, a classificação dos méritos genéticos dos reprodutores para todos os pesos corporais apresenta menores correlações de ordem entre os estados sobre maior intensidade seletiva (Tab. 4). Assim, os reprodutores identificados como os

geneticamente superiores e formadores de melhores progênies em um determinado estado não serão, necessariamente, os pais de melhores desempenhos quando utilizados em outro estado.

Tabela 4. Correlações de Spearman entre valores genéticos preditos para reprodutores referentes aos pesos corporais aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade em análise geral, nos estados de Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e Goiás (GO), considerando-se todos os reprodutores com proles para cada combinação entre estados e também os 100, 75, 50 e 25% melhores reprodutores com base no valor genético obtido em análise geral

P120	25% (N=52)				
	Geral	MT	MS	GO	
50% (N=105)	Geral		0,46	0,58	0,54
	MT	0,77		-0,21	0,50
	MS	0,71	0,31		0,18*
	GO	0,88	0,76	0,52	
100% (N=211)	75% (N=158)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,90	0,82	0,83	0,91
	MS	0,91	0,72	0,52	0,8
	GO	0,95	0,88	0,83	0,69
P210	25% (N=52)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,84	0,79	0,81	0,84
	MS	0,87	0,58	0,42	0,69
	GO	0,87	0,78	0,71	0,63
100% (N=208)	75% (N=156)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,95	0,91	0,92	0,93
	MS	0,96	0,87	0,75	0,88
	GO	0,96	0,93	0,91	0,82
P365	25% (N=50)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,61	0,61	0,58	0,64
	MS	0,73	0,72	0,53	0,49
	GO	0,62	0,6	0,46	0,37
100% (N=202)	75% (N=151)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,87	0,81	0,80	0,75
	MS	0,86	0,85	0,79	0,68
	GO	0,83	0,78	0,73	0,61
P450	25% (N=47)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,83	0,67	0,75	0,57
	MS	0,84	0,73	0,63	0,13
	GO	0,79	0,5	0,58	0,28
100% (N=191)	75% (N=143)				
	Geral	Geral	MT	MS	GO
	MT	0,94	0,90	0,92	0,84
	MS	0,95	0,92	0,86	0,66
	GO	0,91	0,79	0,84	0,73

*Não significativo a 5% de significância.

Interação genótipo...

Falconer e Mackay (1996) afirmam que, em presença de interação genótipo x ambiente, ou seja, pela resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, os genótipos podem sofrer alterações no ordenamento de seus desempenhos nos diferentes ambientes. Corroborando esses autores, alterações na classificação de reprodutores da raça Nelore em diferentes ambientes também foram observadas por Toral *et al.* (2004), Lopes *et al.* (2008), Matos *et al.*

(2013) e, ainda, por Alencar *et al.* (2005), em reprodutores da raça Canchim.

A Tab. 5 mostra as estimativas de tendências genéticas obtidas pela regressão dos valores genéticos dos animais para os pesos corporais em que o reprodutor foi utilizado pela primeira vez, em função do ano de nascimento. Em todos os pesos corporais, as tendências se apresentaram crescentes ao longo dos anos nos três estados.

Tabela 5. Estimativas de tendências genéticas referentes aos pesos corporais aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade para os reprodutores da raça Nelore em análise geral nos estados de Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e Goiás (GO)

P120 (kg)		P210 (kg)	
Geral	$Y = -391,35 + 0,19X$	Geral	$Y = -635,61 + 0,32X$
MT	$Y = -354,76 + 0,18X$	MT	$Y = -663,75 + 0,33X$
MS	$Y = -292,43 + 0,15X$	MS	$Y = -552,11 + 0,26X$
GO	$Y = -416,41 + 0,21X$	GO	$Y = -880,42 + 0,44X$
P365 (kg)		P450 (kg)	
Geral	$Y = -980,61 + 0,49X$	Geral	$Y = -1341,81 + 0,67X$
MT	$Y = -519,42 + 0,26X$	MT	$Y = -700,94 + 0,35X$
MS	$Y = -636,06 + 0,32X$	MS	$Y = -956,15 + 0,48X$
GO	$Y = -1149,38 + 0,57X$	GO	$Y = -1345,48 + 0,67X$

Estimativas de 0,19; 0,32; 0,49 e 0,67kg ano⁻¹, para P120, P210, P365 e P450, respectivamente, indicam, nos rebanhos avaliados, que os critérios de seleção têm priorizado a seleção para peso pós-desmama, a exemplo de Santos *et al.* (2012), que obtiveram tendências genéticas estimadas pela regressão, ponderada, das médias anuais dos valores genéticos dos animais para P205, P365 e P550 iguais a 0,494; 1,229 e 1,500kg ano⁻¹, respectivamente. Souza *et al.* (2011) verificaram tendências genéticas iguais a 0,387; 0,613; 0,802 e 0,946kg/ano, para P120, P205, P365 e P550, respectivamente. Em termos de mudança genética anual, isso representa 0,15; 0,17; 0,18 e 0,24% da média observada da população para P120, P210, P365 e P450, respectivamente.

Os resultados de avaliação da tendência genética indicam que os touros utilizados nesses estados têm contribuído para o aumento do peso dos animais. Santos *et al.* (2012) discutiram que a seleção para os pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade pode gerar, ao longo dos anos, aumento nos custos de produção, da idade ao abate e acabamento dos animais, havendo, assim, necessidade de seleção mais criteriosa para essas características.

De forma geral, maiores tendências genéticas foram observadas nos rebanhos pertencentes ao estado de Goiás. Menores tendências para pesos corporais na fase de desmama foram observadas no estado de Mato Grosso do Sul e no período pós-desmama no estado de Mato Grosso. Assim, diferenças entre componentes de variâncias, entre estimativas de herdabilidade e entre as mudanças genéticas anuais para os pesos corporais contribuem para a evidência da presença da interação genótipo x ambiente entre os estados.

CONCLUSÕES

Há evidências de presença de interação genótipo x ambiente sobre indicadores de desempenho ponderal na desmama e pós-desmama em animais da raça Nelore, explorados na região Centro-Oeste do Brasil. A interação genótipo x ambiente apresenta maior impacto na avaliação genética de reprodutores sobre maiores intensidades seletivas. Estimativas de tendências genéticas indicam ganhos obtidos para os indicadores de desempenho ponderal na desmama e pós-desmama por meio da seleção dos reprodutores nos estados da região Centro-Oeste, com maior ênfase no estado de Goiás.

AGRADECIMENTOS

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (Fapemat), pelo apoio e pela cooperação neste artigo.

REFERÊNCIAS

- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo-ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. *Rev. Bras. Zootec.*, v.34, p.489-495, 2005.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. *et al.* Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Rev. Bras. Zootec.*, v.38, p.2320-2326, 2009.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Am. Natural.*, v.86, p.293-298, 1952.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. Harlow: Longman, 1996. 464p.
- LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B. *et al.* Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.63, p.143-152, 2011.
- LIRA, T.S.; PEREIRA, L.S.; LOPES, F.B. *et al.* Tendência genética para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do trópico úmido do Brasil. *Ciênc. Anim. Bras.*, v.14, p.23-31, 2013.
- LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. *et al.* Efeito da interação genótipo - ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na região Sul do Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, v.37, p.54-60, 2008.
- LUSH, J.L. *Animal breeding plans*. Ames: Iowa State College, 1945. p.443.
- MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. *et al.* Estudo da interação genótipo ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando-se inferência bayesiana. *Rev. Bras. Zootec.*, v.35, p.2275-2284, 2006.
- MATOS, A.S.; SENA, J.S.S.; MARCONDES, C.R. *et al.* Interação genótipo-ambiente em rebanhos nelore da Amazônia Legal. *Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.*, v.14, p.599-608, 2013.
- MISZTAL, I. REMLF90 manual. [2015]. Available in: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Accessed in: 6 Apr. 2015.
- MOREIRA, H.L.; CANOVA, É.B.; MUNARI, D.P. *et al.* Parâmetros genéticos para período de gestação e características de crescimento pré e pós desmame em bovinos Nelore. *Bol. Ind. Anim.*, v.72, p.130-135, 2015.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of genetic correlation coefficient. *Biometrics*, v.15, p.469-485, 1959.
- SANTOS, G.C.J.; LOPES, F.B.; MARQUES, E.G. *et al.* Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. *Acta Sci. Anim. Sci.*, v.34, p.97-101, 2012.
- SILVEIRA, J.C.; MCMANUS, C.; MASCIOLI, A.S. *et al.* Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no estado do Mato Grosso do Sul. *Rev. Bras. Zootec.*, v.33, p.1432-1444, 2004.
- SIMONELLI, S.M.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. *et al.* Interação genótipo x ambiente para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. *Anais...* Pirassununga: SBMA, 2004.
- SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A. *et al.* Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados á pasto no Brasil. *Arch. Zootec.*, v.60, p.457-465, 2011.
- STATISTICAL analysis system user's guide. Version 9.0 ed. Cary: SAS Institute, 2002.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.L. *et al.* Interação genótipo - ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. *Rev. Bras. Zootec.*, v.33, p.1445-1455, 2004.