

Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano

Carina Ubirajara de Faria^{1*}, Juliano Pereira Terra², Marcos Jun Iti Yokoo³, Cláudio Ulhôa Magnabosco⁴, Lúcia Galvão de Albuquerque³ e Raysildo Barbosa Lôbo⁵

¹Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Uberlândia, Av. Pará, 720, 38400-648, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil. ²Universidade Federal de Goiás, Jataí, Goiás, Brasil. ³Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, Paraná, Brasil. ⁴Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasília, Distrito Federal, Brasil. ⁵Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil. *Autor para correspondência: E-mail: carinauf@famev.ufu.br

RESUMO. Objetivou-se avaliar os efeitos das interações genótipo-ambiente sobre as estimativas de componentes de (co)variâncias e predição dos valores genéticos para o peso ao desmame de bovinos Nelore, sob enfoque bayesiano. Foram utilizados 16.644 registros de pesos ao desmame de bovinos provenientes de dez rebanhos participantes do Programa Nelore Brasil. Os parâmetros genéticos foram estimados sob modelo animal, considerando a estatística bayesiana. Para verificar o efeito da interação genótipo-ambiente, foram analisados os seguintes modelos matriciais: sem a inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente; com a inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente, em que se considerou o efeito de touro-ano, touro-rebanho e ambos os efeitos. De modo geral, verifica-se que a inclusão da interação genótipo-ambiente na análise genética para o peso ao desmame, tende a alterar as estimativas de (co)variâncias genéticas e ambientais. As correlações de Spearman entre os valores genéticos foram acima de 97%, indicando que, praticamente, não houve mudança na classificação dos animais avaliados. Pode-se inferir que os efeitos de interação touro-ano e touro-rebanho não alteram as classificações dos animais, e a não-inclusão destes efeitos na avaliação genética, não afetam a seleção baseada nas predições dos valores genéticos para o peso ao desmame.

Palavras-chave: crescimento, touro-ano, touro-rebanho, parâmetros genéticos, valor genético.

ABSTRACT. Genotype-environment interaction in the genetic analysis for weaning weight in Nelore cattle using bayesian approach. The objective was to evaluate the interactions of genotype-environment effects on the components of (co)variance estimates and the prediction of breeding values for weaning weight in Nelore cattle, using a Bayesian approach. Records of 16,644 weaning weights were used from cattle distributed in ten ranches across six Brazilian states. The genetic parameters were estimated under an animal model considering Bayesian statistics. To verify genotype-environment interaction effects, we analyzed the following matrix model: without the inclusion of genotype-environment interaction effects, and with the inclusion of genotype-environment interaction effects, which considered the effect of sire-year, sire-herd, and both effects. In general, the results suggest that the inclusion of genotype-environment interaction in genetic analysis for weight at weaning tends to alter the estimates of genetic and environment (co)variances. The Spearman correlations between the breeding values were above 97%, indicating practically no change in the classification of animals evaluated. It can be inferred that the interaction effects of sire-year and sire-herd do not change the animals rank, and if not included in the genetic evaluation, the selection based on predictions of breeding values for weaning weight will not be affected.

Keywords: growth, sire-year, sire-herd, genetic parameters, breeding value.

Introdução

O rebanho bovino brasileiro é atualmente o maior rebanho comercial do mundo (ANUALPEC, 2008), sendo constituído por uma grande variedade de raças, porém, com predominância para animais zebuínos, sobretudo,

da raça Nelore. Pela grande dimensão territorial, utilizada para a prática da atividade pecuária, o Brasil apresenta grande variedade de condições ambientais, e os animais são submetidos a diferentes condições de manejo durante sua vida produtiva. Com a evolução das técnicas de seleção, tornou-se possível a

identificação de genótipos superiores criados em diversas condições ambientais e em distintos sistemas de produção. No entanto, a interação do genótipo com o ambiente pode interferir na resposta fenotípica, tendo em vista que os animais podem se apresentar superiores em alguns ambientes, e em outros, apresentarem desempenho inferior (MASCIOLI et al., 2006). A interação genótipo ambiente caracteriza-se pela dependência da expressão genotípica ao ambiente em que estes genótipos são criados.

A avaliação genética é uma importante ferramenta para a identificação e seleção de animais nos rebanhos. Contudo, se as diferentes formas de interação dos genótipos dos animais com o ambiente forem evidentes, estas podem influenciar nas estimativas dos parâmetros genéticos das características de interesse econômico, e com isso levar a equívocos na seleção dos animais, com conseqüente decréscimo no progresso genético dos rebanhos. Conforme relatado por Toral et al. (2004), quando há interação genótipo-ambiente, a classificação dos animais pode ser alterada, e desta forma, corre-se o risco de selecionar, inadequadamente, os animais considerados geneticamente superiores, o que levaria a uma redução do progresso genético para a característica em questão.

Alguns estudos foram realizados com o intuito de avaliar a influência das diferentes formas de interação do genótipo com o ambiente sobre o desempenho de bovinos de corte, podendo destacar as interações de touro-região (TORAL et al., 2004; FRIDRICH et al., 2008), estação-época de nascimento (ALENCAR et al., 2005; MASCIOLI et al., 2006), fazenda (SOUZA et al., 2004), ano (LEE; POLLAK, 1997) e rebanho (ELER et al., 2000; NOTTER et al., 1992). Entretanto, não há consenso na literatura sobre a necessidade de inclusão do efeito da interação genótipo-ambiente nos modelos de avaliação genética, principalmente, quando se refere às características produtivas de bovinos de corte.

Ao estudar a interação de touro-região para os pesos ao desmame e sobreano de bovinos da raça Nelore, Toral et al. (2004) verificaram evidências desta interação nas estimativas de parâmetros genéticos. Resultados semelhantes foram obtidos por Alencar et al. (2005) e Fridrich et al. (2008). No entanto, Lee e Pollak (1997) sugeriram mais estudos para quantificar a natureza da interação genótipo-ambiente, uma vez que tais efeitos podem ser confundidos com outras fontes não-identificadas.

Assim, este estudo objetiva avaliar os efeitos da interação genótipo-ambiente de touro-ano e touro-rebanho sobre as estimativas de componentes de (co)variâncias e predição dos valores genéticos para o peso ao desmame de bovinos da raça Nelore, sob enfoque bayesiano.

Material e métodos

Foram utilizados 16.644 registros de pesos ao desmame, padronizado aos 210 dias de idade (P210), de bovinos da raça Nelore, filhos de 490 touros e 9.485 reprodutrices, provenientes de dez rebanhos de seis Estados brasileiros, participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A consistência dos dados foi realizada por meio da utilização do programa SAS (SAS, 2004).

Para a formação dos grupos de contemporâneos, foram considerados os efeitos de fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo aos 210 dias. O efeito da estação de nascimento foi dividido em quatro classes: animais nascidos nos meses de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro. Eliminaram-se os grupos contemporâneos que continham menos de quatro animais. Foram gerados 632 e 983 níveis para os efeitos de touro-rebanho e touro-ano, respectivamente. Na Tabela 1 é apresentada a estatística descritiva para o peso ao desmame (P120).

Tabela 1. Estatística descritiva do peso ao desmame padronizado aos 210 dias de idade (P210) de bovinos da raça Nelore.

Variáveis	P210
Média e desvio-padrão	187 ± 28 kg
Coefficiente de variação	15,17%
Valor mínimo	74 kg
Valor máximo	325 kg
Grupos contemporâneos	533
Classe de idade da vaca ao parto	6
Níveis de touro-rebanho	632
Níveis de touro-ano	983

Os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos foram estimados mediante análises unicaracterísticas sob modelo animal utilizando a estatística bayesiana por meio do aplicativo Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models (MTGSAM) desenvolvido por Van Tassell e Van Vleck (1996).

O efeito da interação genótipo-ambiente, bem como sua magnitude, sobre o peso ao desmame (P210) foi avaliado pela inclusão das interações touro-ano (M_{TA}) e touro-rebanho (M_{TR}), nos modelos de análise, como a seguir apresentado: i) modelo sem a inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente (M_C) e ii) modelos com a

inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente (M_{TA} , M_{TR} , M_{TATR}). Na Tabela 2 é apresentada a descrição dos modelos utilizados.

Tabela 2. Descrição dos modelos sem inclusão de interações (M_C) e com a inclusão da interação touro-ano (M_{TA}), touro-rebanho (M_{TR}) e ambas (M_{TATR}), utilizados para avaliar o efeito da interação genótipo-ambiente sobre o peso ao desmame (P210) na raça Nelore.

Modelo	Efeito Aleatório Genético		Efeito Aleatório Não-Correlacionado		
	Direto	Materno	Permanente	Touro-ano	Touro-Rebanho
M_C	x	x	x		
M_{TA}	x	x	x	x	
M_{TR}	x	x	x		x
M_{TATR}	x	x	x	x	x

O modelo linear básico (M_C) para análise deste estudo pode ser representado em notação matricial conforme descrito a seguir:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3pm + e$$

em que:

y é o vetor das observações (peso aos 210 dias de idade); β é o vetor dos efeitos fixos (grupo contemporâneo e classe de idade da vaca ao parto); a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal; m é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; pm é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente materno; e o vetor de efeitos aleatórios residuais; e X , Z_1 , Z_2 , e Z_3 , são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aos efeitos aleatórios genéticos aditivos, direto e maternal, e não-correlacionados, de ambiente permanente materno, respectivamente. O arquivo de genealogia incluiu 36.133 animais da raça Nelore.

Para as distribuições iniciais das variâncias e covariâncias assumiu-se como uma distribuição Wishart Invertida para os efeitos genéticos, não-correlacionados e residuais de todas as características. Se a variável aleatória, W , é uma variável Wishart Invertida, então a função densidade de probabilidade de W é:

$$p(W|v, V) \propto K(v, V^{-1}) |W|^{-\frac{1}{2}(v+m+1)} \exp(\text{tr}(-\frac{1}{2} V^{-1} W^{-1}))$$

$$W, V > 0; v > m + 1$$

em que:

$$K(v, V^{-1}) = |V^{-1}|^{\frac{1}{2}v} \left(2^{\frac{1}{2}vm} \pi^{\frac{1}{4}m(m-1)} \prod_{i=1}^m \Gamma\left(\frac{v-j+1}{2}\right) \right)^{-1}$$

Conforme descrito por Johnson e Kotz (1972), são necessários diversos parâmetros para a função densidade de probabilidade das variáveis aleatórias. O parâmetro v é o grau de liberdade correspondente à variável Wishart Invertida indicando o grau de confiabilidade da distribuição inicial. A matriz V descreve a estrutura de variâncias e covariâncias da variável W , e m é a dimensão de V . A média de W é V^{-1}/ν^* , em que $V^{-1} = \nu^*V_0'$, V_0 é a matriz de variâncias e covariâncias especificada pela informação inicial. Neste estudo, o parâmetro ν utilizado foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

Na implementação do Amostrador de Gibbs, que utiliza a estatística bayesiana, foi utilizado um total de 300.000 iterações com descarte inicial de 20.000 iterações para o período de “aquecimento” da cadeia de Gibbs, no intuito de se minimizarem os efeitos dos valores iniciais. Para assegurar a independência das amostras, considerou-se um intervalo de retirada de 100 iterações, gerando um total de 2.800 amostras dos componentes de variância e covariância. As análises das amostras, da correlação serial e da convergência da cadeia de Gibbs foram realizadas com o auxílio do programa GIBANAL (VAN KAAM, 1998).

Para verificar a classificação dos animais, de acordo com cada modelo, estimaram-se as correlações de Spearman, considerando a predição dos valores genéticos dos animais, pelo procedimento PROC CORR do software SAS (SAS, 2004).

Resultados e discussão

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame de bovinos da raça Nelore, considerando a inclusão ou não dos efeitos de interação genótipo-ambiente (touro-ano e touro-rebanho). Verifica-se que a inclusão das interações nos modelos de análise para o peso ao desmame (P120), tendeu a alterar as estimativas de (co)variâncias genéticas e ambientais. Os resultados apresentados neste estudo estão de acordo com os encontrados na literatura (ALENCAR et al., 2005; ELER et al., 2000; MASCIOLI et al., 2006; SOUZA et al., 2004).

Observa-se que para os efeitos aleatórios genéticos aditivos, direto e maternal, o modelo bayesiano clássico (M_C) apresentou valores superiores aos estimados pelos modelos bayesianos que incluíram os efeitos de interação genótipo-ambiente (M_{TA} , M_{TR} e M_{TATR}). O contrário foi observado para a variância residual, que foi de menor

magnitude para o modelo clássico (M_C), o que já era esperado, uma vez que para todos os modelos bayesianos a variância fenotípica se manteve constante.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos sem inclusão de interação (M_C), com inclusão do efeito de touro-ano (M_{TA}), touro-rebanho (M_{TR}) e ambos (M_{TATR}).

Variáveis	Modelos			
	M_C	M_{TA}	M_{TR}	M_{TATR}
Componentes de (co)variância				
σ_a^2	140,68	123,14	117,65	109,30
σ_{am}^2	-54,52	-44,78	-42,52	-37,80
σ_m^2	111,22	106,50	105,46	102,16
σ_{pm}^2	49,71	49,44	49,16	49,93
σ_{ia}^2	-	6,84	-	5,35
σ_{ir}^2	-	-	7,35	6,17
σ_ϵ^2	184,02	189,67	193,85	195,81
σ_p^2	431,12	430,81	430,96	430,93
Parâmetros genéticos				
h_a^2	0,33	0,28	0,27	0,25
h_m^2	0,26	0,25	0,24	0,24
r_{am}	-0,43	-0,38	-0,38	-0,35

σ_a^2 variância genética aditiva direta; σ_{am}^2 covariância genética aditiva materna; σ_m^2 variância genética aditiva materna; σ_{pm}^2 variância aleatória não-correlacionada de ambiente permanente materno; σ_{ia}^2 variância aleatória não-correlacionada de touro-ano; σ_{ir}^2 variância aleatória não-correlacionada de touro-rebanho; σ_ϵ^2 variância residual; σ_p^2 variância fenotípica; h_a^2 herdabilidade aditiva direta; h_m^2 herdabilidade aditiva materna; r_{am} correlação genética aditiva direta e materna.

No modelo M_{TA} , a inclusão da interação de touro-ano ocasionou redução das estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, materna e a covariância entre estes componentes, quando comparadas com o modelo M_C . A variância da interação touro-ano representou 1,6% da variância fenotípica, o suficiente para reduzir a herdabilidade direta de 0,33 para 0,28, o que é uma redução pequena do ponto de vista biológico.

Observa-se que no modelo M_{TR} , com a inclusão do efeito de touro-rebanho, os componentes de (co)variância genéticos sofreram redução quando comparados aos modelos M_C e M_{TR} . A variância da interação touro-rebanho representou 1,7% da variância fenotípica, sendo suficiente para reduzir a herdabilidade direta de 0,33 (M_C) para 0,27. Resultado semelhante foi apresentado por Eler et al. (2000) que analisaram dados de peso ao desmame de bovinos da raça Nelore, considerando a estatística frequentista (máxima verossimilhança restrita) nas análises genéticas. Os mesmos autores verificaram que o efeito de touro-rebanho foi de 1% da variação fenotípica e que este alterou as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. Souza et al. (2004) relataram que o uso da interação touro-rebanho permite melhor ajuste do modelo de avaliação genética.

No modelo M_{TATR} foram incluídos os efeitos de interação genótipo-ambiente para touro-ano e touro-rebanho. Ambos os efeitos significaram 2,7%

da variação fenotípica total do peso ao desmame (P210), ocasionando redução da herdabilidade direta de 0,33 (M_C) para 0,25.

Ao avaliar as covariâncias entre os efeitos aleatórios genéticos aditivos, direto e maternal, nota-se que estas apresentaram comportamento semelhante ao das variâncias genéticas aditivas, direta e materna, e as estimativas obtidas pelos modelos com efeito de interação genótipo-ambiente (M_{TA} , M_{TR} e M_{TATR}) foram menores que a obtida pelo modelo clássico (M_C). No entanto, as correlações genéticas entre os efeitos genéticos aditivos, direto e materna, permaneceram negativas. Eler et al. (2000), ao analisar dados de peso ao desmame de bovinos da raça Nelore, destacaram que o efeito mais importante da interação touro-rebanho foi sobre a correlação genética entre os efeitos aditivos, direto e materna, em que as estimativas passaram de negativas para valores zero ou positivos.

Em relação à variação pelo efeito aleatório de ambiente permanente materno, verifica-se que não houve grandes alterações com a inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente. Este resultado é explicado pelo fato desta variação ambiental estar relacionada diretamente com as mães dos animais que possuem medidas para o peso ao desmame.

Ao comparar os modelos bayesianos com interação genótipo-ambiente de touro-ano (M_{TA}), touro-rebanho (M_{TR}), e com ambos os efeitos de touro-ano e touro-rebanho (M_{TATR}), observa-se que a variação para o efeito aleatório não-correlacionado de touro-ano foi semelhante à variação para o efeito aleatório de touro-rebanho, embora a de touro-rebanho tenha sido ligeiramente superior à de touro-ano. Em relação aos parâmetros genéticos, verifica-se na Tabela 3 que as estimativas de herdabilidade direta para o peso ao desmame apresentaram valores menores à medida que foram acrescentados os efeitos aleatórios não-correlacionados de touro-ano e touro-rebanho, sendo de menor magnitude no modelo M_{TATR} . Entretanto, o mesmo não ocorreu para a herdabilidade materna que foi praticamente idêntica nos quatro modelos bayesianos avaliados.

Na Tabela 4 são apresentados os intervalos de maior densidade posteriori (PHD, do inglês highest posterior density), a 95% de probabilidade, para os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados a partir dos quatro diferentes modelos bayesianos, com o intuito de verificar o efeito de interação genótipo-ambiente.

Verifica-se que, apesar dos valores (mínimos e máximos) serem diferentes ao considerar os quatro modelos bayesianos, os intervalos de 95% da maior densidade posteriori, para os componentes de

(co)variância e parâmetros genéticos apresentaram a mesma amplitude para todos os modelos avaliados. Entretanto, observou-se a mesma tendência de reduzir a variação dos efeitos genéticos aditivos ao incluir os efeitos de interação genótipo-ambiente na avaliação genética do peso ao desmame de bovinos da raça Nelore.

Tabela 4. Intervalos de maior densidade a posteriori (95% de probabilidade) dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos nas análises genéticas utilizando os modelos bayesianos, sem inclusão de interação genótipo-ambiente (M_C), com inclusão do efeito de touro-ano (M_{TA}), touro-rebanho (M_{TR}) e ambos os efeitos de touro-ano e touro-rebanho (M_{TATR}).

Variáveis	Modelos			
	M_C	M_{TA}	M_{TR}	M_{TATR}
Componentes de (co)variâncias				
σ_a^2	110,36 a 173,26	94,44 a 157,57	87,97 a 149,48	80,75 a 143,95
σ_{am}^2	-80,32 a -29,93	-69,90 a -21,15	-67,03 a -21,42	-62,38 a -16,20
σ_m^2	84,52 a 140,19	79,73 a 134,87	82,27 a 132,17	77,79 a 128,52
σ_{pm}^2	31,63 a 68,99	31,97 a 68,79	32,27 a 67,02	31,25 a 68,13
σ_{ta}^2	-	3,37 a 10,78	-	2,09 a 9,38
σ_r^2	-	-	3,76 a 11,77	2,41 a 10,70
σ_e^2	166,01 a 201,64	170,70 a 207,06	175,30 a 211,00	176,91 a 212,48
σ_p^2	419,17 a 443,00	417,45 a 443,29	419,06 a 443,39	418,96 a 443,03
Parâmetros genéticos				
h_a^2	0,26 a 0,40	0,22 a 0,36	0,21 a 0,34	0,19 a 0,33
h_m^2	0,20 a 0,32	0,19 a 0,31	0,19 a 0,30	0,18 a 0,30
r_{am}	-0,56 a -0,28	-0,53 a -0,22	-0,52 a -0,22	-0,51 a -0,18

σ_a^2 variância genética aditiva direta; σ_{am}^2 covariância genética aditiva direta materna; σ_m^2 variância genética aditiva materna; σ_{pm}^2 variância aleatória não-correlacionada de ambiente permanente materno; σ_{ta}^2 variância aleatória não-correlacionada de touro-ano; σ_r^2 variância aleatória não-correlacionada de touro-rebanho; σ_e^2 variância residual; σ_p^2 variância fenotípica; h_a^2 herdabilidade aditiva direta; h_m^2 herdabilidade aditiva materna; r_{am} correlação genética aditiva direta e materna.

Resultados similares foram observados por Mascioli et al. (2006), ao avaliar os efeitos de interação genótipo-ambiente para características de crescimento de bovinos da raça Canchim, utilizando a estatística bayesiana.

As correlações de ordem de Spearman (correlação de posto) dos valores genéticos preditos para o peso ao desmame obtidas a partir dos modelos bayesianos, com a inclusão (M_{TA} , M_{TR} e M_{TATR}) ou não (M_C) de efeitos de interação genótipo-ambiente, estão apresentadas na Figura 1. Observa-se que as correlações de ordem de Spearman foram superiores a 97%, indicando que, praticamente, não houve mudança na classificação dos animais avaliados, considerando os diferentes modelos de análise genética. Estes resultados diferem dos encontrados por Lopes et al. (2008), que ao estudar a interação genótipo-ambiente para bovinos da raça Nelore, criados em diferentes Estados do Sul do Brasil, verificaram alterações na classificação dos touros avaliados. O mesmo foi relatado por Toral et al. (2004), ao avaliar a interação genótipo-ambiente para características de crescimento de bovinos Nelore, criados em microrregiões distintas do Estado de Mato Grosso do Sul. Considerando o efeito de interação touro-rebanho, Fridrich et al. (2008)

observaram alterações na ordem de classificação dos touros para algumas das regiões do Brasil.

A partir dos resultados observados, neste estudo, pode-se inferir que a inclusão da interação genótipo-ambiente nos modelos de análise genética para o peso ao desmame, a partir dos efeitos de touro-ano e touro-rebanho, não ocasionaram mudanças significativas na classificação dos animais. Entretanto, a inclusão dos efeitos de interação genótipo-ambiente, tanto de forma individual (touro-ano ou touro-rebanho) como conjunta (touro-ano e touro-rebanho) ocasionou redução nas estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame. Recomenda-se que mais estudos sejam realizados para averiguar a existência destes efeitos de interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos de corte, visto a extensão territorial do Brasil e as diferentes práticas de manejo adotadas, além da grande variedade de sistemas de produção existentes.

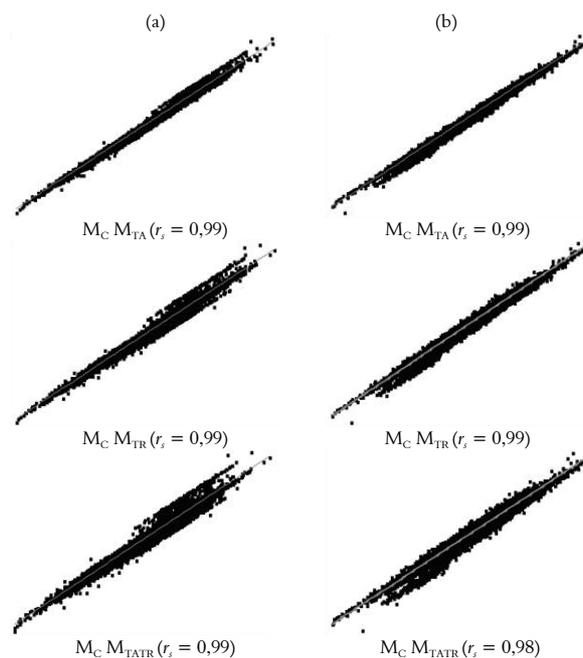


Figura 1. Correlação de Spearman (r_s) entre os valores genéticos para os efeitos genéticos aditivos direto (a) e materno (b) para o peso ao desmame (P210), considerando os diferentes modelos bayesianos, com a inclusão (M_{TA} , M_{TR} e M_{TATR}) ou não (M_C) dos efeitos de interação genótipo-ambiente.

Conclusão

Os efeitos de interação genótipo-ambiente para touro-ano e touro-rebanho não alteram as classificações dos animais, e a não-inclusão destes efeitos nos modelos de avaliação genética não afeta a seleção baseada nas predições dos valores genéticos dos animais para o peso ao desmame.

Agradecimentos

A Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), pela concessão dos dados e à Universidade Federal de Goiás (Campus de Jataí, Estado de Goiás) e à Universidade Estadual Paulista (Campus de Jaboticabal, Estado de São Paulo), pelo suporte técnico e científico.

Referências

ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo-ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 2, p. 489-495, 2005.

ANUALPEC-Anuário Estatístico da Pecuária Brasileira. São Paulo: Agra FNP, 2008.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; GOLDEN, B. L.; PEREIRA, E. 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**, v. 29, n. 6, p. 1642-1648, 2000.

FRIDRICH, A. B.; SILVA, M. A.; VALENTE, B. D.; SOUSA, J. E. R.; CORRÊA, G. S. S.; FERREIRA, I. C.; VENTURA, R. V.; SILVA, L. O. C. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 4, p. 917-925, 2008.

JOHNSON, N. L.; KOTZ, S. **Distributions in statistics**. New York: John Wiley and Sons, 1972.

LEE, C.; POLLAK, E. J. Relationship between sire x year interaction and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, v. 75, n. 1, p. 68-75, 1997.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 1, p. 54-60, 2008.

MASCIOLI, A. S.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.; MARTINS, E. N. Estudo da interação genótipo 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.

NOTTER, D. R.; TIER, B.; MEYER, K. Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 70, n. 8, p. 2359-2365, 1992.

SAS-Statistical Analysis System. **SAS OnlineDoc 9.1.3**. Cary: Statistical Analysis System Institute, 2004.

SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; RAMOS, A. A.; FERRAZ-FILHO, P. B.; CÍCERO, E. A.; MALHADO, C. H. M. Fatores ambientais, genéticos e interação touro x fazenda sobre o peso aos 205 dias de idade de bovinos da raça Nelore no Estado de Mato Grosso do Sul. **Arquivo de Ciência Veterinária e Zootecnia**, v. 7, n. 2, p. 109-113, 2004.

TORAL, F. L. B.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N.; GONDO, A.; SIMONELLI, S. M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1445-1455, 2004.

VAN KAAM, J. B. C. H. M. **Gibanal 2.9**: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences. Wageningen: Wageningen Agricultural University, 1998.

VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, v. 74, n. 11, p. 2586-2597, 1996.

Received on October 9, 2009.

Accepted on November 22, 2010.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.