



## INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESOS À DESMAMA, ANO E SOBREANO NA RAÇA NELORE<sup>1</sup>

SANDRA M. SIMONELLI<sup>2</sup>, ELIAS N. MARTINS<sup>3</sup>, EDUARDO SHIGUERO SAKAGUTI<sup>3</sup>, ELIANE GASPARINO<sup>3</sup>, LUIS OTÁVIO C. SILVA<sup>4</sup>, DANIEL PEROTTO<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Trabalho apresentado como parte da Tese de Doutorado do primeiro Autor

<sup>2</sup> Professora do CESUMAR e CIES

<sup>3</sup> Professores da Universidade Estadual de Maringá

<sup>4</sup> Pesquisador da EMBRAPA-Gado de Corte – Campo Grande

<sup>5</sup> Pesquisador IAPAR – Ponta Grossa

**RESUMO** - Correlações genéticas foram estimadas e a similaridade genética foi calculada nas cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul para verificação da interação genótipo x ambiente. Os dados utilizados foram de bovinos da raça Nelore da Embrapa – Gado de Corte. Foram estudados o peso a desmama (P205), ao ano (P365) e ao sobreano (P550). Cada característica foi considerada em cada região como características distintas. As correlações genéticas foram baixas entre todas as regiões para todas as características estudadas. O número de touros em comum em todas as regiões foi alto, indicando a existência da interação genótipo x ambiente.

**PALAVRAS-CHAVE:** bovinos de corte, inferência Bayesiana, interação genótipo x ambiente similaridade genética

INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONMENT FOR WEIGHT AT WEANING, YEAR AND YEARLING IN THE NELORE BREED

**ABSTRACT** - Genetic relationships were estimated and the genetic similarity was calculated in the five regions of the state of Mato Grosso do Sul for verification of the interaction genotype x environment. The data used were of bovine Nelore coming from the Embrapa – Gado de Corte. They were studied the weight weans (P205), per year (P365) and at yearling (P550). Each trait was considered in each region as being distinct traits. The genetic correlations were low among all of the regions. The number of bulls in all regions in common was loud, indicating the existence of the interaction genotype x environment.

**KEYWORDS:** bayesian inference, beef cattle, genetic similarity, interaction genotype x environment

### INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual eles são comparados (Mascioli, 2000). Falconer (1952) relata que uma característica, em ambientes diferentes, pode ser interpretada como sendo características diferentes, porque os genes que a controlam em determinado ambiente, podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro ambiente.

Segundo Dickerson (1962), a mudança genética em um ambiente diferente do ambiente de seleção é proporcional à correlação genética entre os desempenhos nos dois ambientes. As correlações genéticas, entre a mesma característica em ambientes diferentes, quando altas, evidenciam pouca importância da interação genótipo x ambiente, e, quando baixas, indicam que os desempenhos são diferentes.

Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a ocorrência de interação genótipo x ambiente nas características peso a desmama, ajustado para 205 dias (P205), peso ao ano, ajustado para 365 dias (P365), e peso ao sobreano, ajustado para 550 dias (P550), de bovinos da raça nelore criados nas cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul.

### MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes do Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPGC-EMBRAPA) localizado em Campo Grande no Estado do Mato Grosso do Sul.

O conjunto foi proveniente do controle do desenvolvimento ponderal de animais da raça Nelore criados em cinco regiões do Mato Grosso do Sul conforme estabelecidas pelo IBGE (1970),

sendo elas: região do Alto Taquari (1); regiões Bodoquena e Dourados (2); região de Campo Grande (3); região do Pantanal (4) e regiões Paranaíba e Três Lagoas (5).

As características estudadas neste trabalho foram o peso à desmama, ajustado para 205 dias de idade (P205), o peso ao ano, ajustado para 365 dias de idade (P365) e o peso ao sobreano, ajustado para 550 dias de idade (P550). Foram incluídos no modelo como efeitos fixos o grupo contemporâneo (GC), o sexo dos animais e a covariável idade da mãe ao parto (linear e quadrática), sendo esta última considerada somente para o P205.

Os componentes de co(variância) foram obtidos por meio do programa MTGSAM - *Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models* desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995)

Para estimação dos componentes de (co)variâncias foi considerado a mesma característica em cada região como sendo características distintas. Assim, foram realizadas análises multicarater para o P205 utilizando-se um modelo que incluiu os efeitos genéticos diretos, maternos e permanentes de ambiente. Para o P365 E P550 o modelo incluiu somente o efeito genético direto. Para os efeitos fixos foi assumida distribuição uniforme e para os componentes de variância genética direta, materna de ambiente permanente e residual foi assumido distribuição de Wishart Invertida.

Para as análises multicarater da característica P205, foram geradas cadeias de Gibbs de 530.000 iterações, com descarte inicial de 5.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 600 iterações. Para as análises multicarater das características P365 e P550 foram geradas cadeias de 530.000 iterações, com descarte inicial de 5.000 e intervalo de retirada de 40 iterações.

A verificação da convergência das distribuições das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi realizada pela biblioteca CODA (*Convergence Diagnosis and output Analysis*) versão 0.4, desenvolvido por Cowles et al. (1995), e o método adotado neste trabalho foi o de Heidelberg & Welch (1983).

A interação genótipo x ambiente foi feita por meio da verificação das correlações genéticas entre as regiões e a similaridade genética entre as regiões foi definida como a razão entre o número de filhos de touros comuns usados nas duas regiões e o número total de filhos nas duas regiões (Rekaya et al., 2001).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

As maiores variações genéticas para as três características estudadas estão nas regiões 1, 3 e 4.

Os intervalos de credibilidade e as RADs para todas as correlações entre todas as regiões para as características P205, P365 e P550 foram bastante próximos, o que demonstra a simetria das distribuições e estimativas acuradas para as correlações.

Observam-se (Tabela 1) correlações bastante baixas entre as regiões para todas as características estudadas. Para a característica P205 as maiores correlações foram encontradas entre as regiões 2 e 5 (0,14) para o efeito genético direto e entre as regiões 1 e 5 (0,24) para o efeito genético materno. Tanto para a característica P365 como para a característica P550 a maior correlação para o efeito genético direto foi de 0,12 encontrada entre as regiões .

TABELA 1. Correlações genéticas para as características P205, P365 e P550 nas cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul

Correlações	Características			
	P205		P365	P550
	Direta	Materna	Direta	Direta
r12	0,06	0,03	0,010	0,034
r13	0,04	0,025	0,02	0,028
r14	0,04	0,011	0,002	0,026
r15	0,07	0,24	0,04	0,034
r23	0,08	0,07	0,09	0,08
r24	0,05	0,05	0,06	0,036
r25	0,14	0,09	0,12	0,12
r34	0,05	0,05	0,07	0,055
r35	0,06	0,03	0,06	0,06
r45	0,05	0,021	0,08	0,09

r12 - correlação genética direta entre as regiões 1 e 2; r13 - correlação genética direta entre as regiões 1 e 3; r14 - correlação genética direta entre as regiões 1 e 4; r15 - correlação genética direta entre as regiões 1 e 5; r23 - correlação genética direta entre as regiões 2 e 3; r24 - correlação genética direta entre as regiões 2 e 4; r25 - correlação genética direta entre as regiões

2 e 5; r34 - correlação genética direta entre as regiões 3 e 4; r35 - correlação genética direta entre as regiões 3 e 5; r45 - correlação genética direta entre as regiões 4 e 5.

Neste trabalho evidencia-se que a adaptação dos animais é diferente de região para região no Mato Grosso do Sul o que sugere que indivíduos dentro de uma região ou condição de manejo diferentes seriam diferentemente adaptados. Essas diferenças na capacidade adaptativa do animal pode alterar a classificação dos genótipos de acordo com o ambiente. Nas avaliações genéticas pode haver uma 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.

Observa-se (Tabela 2) que as maiores similaridades genéticas foram encontradas entre as regiões 2 e 3, 3 e 5 e entre as regiões 4 e 5.

TABELA 2. Similaridade genética (%) entre as cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul

Regiões	2	3	4	5
1	30,7	41	43,7	33,7
2		70,2	44,7	42,9
3			52,25	58
4				64

Assim, verifica-se que baixa conectabilidade dos dados não é o motivo dos baixos valores de correlações encontradas. Os resultados indicam a possibilidade de existência da interação genótipo x ambiente. Pode-se afirmar que a adaptação dos animais está sendo diferente nas diferentes regiões do estado do Mato Grosso do Sul.

### CONCLUSÕES

As correlações genéticas entre as cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul foram muito baixas;

A similaridade genética entre regiões variou de média a alta, independente da heterogeneidade de variâncias;

Houve interação genótipo x ambiente entre as cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul;

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- COWLES, M. K.; BEST, N.; VINES, K. **Convergence Diagnostics and Output Analysis**. MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40. 1995.
- DICKERSON, G.E. Implication of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, n.1, p.47-63.1962.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 6.ed., New York, The Ronald Press Company, 1981. 365p.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA-IBGE. **Divisão do Brasil em regiões homogêneas 1968**. Rio de Janeiro: 1970. 567 p.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, p.1109-11144, 1983.
- MASCIOLI, A.S. **Interação genótipo x ambiente sobre o desempenho de animais Canchim e cruzados Canchim x Nelore**. 2000. 99 p. Tese (Doutorado em Zootecnia)-Universidade Estadual Paulista, 2000.
- REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, D. L. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. In: **A manual for use of MTGSAM**. U. S Department of Agriculture: Agricultural Research Service.1995.