

**Interação genótipo-ambiente para conformação ao sobreano em bovinos da raça Nelore utilizando normas de reação**

Hermenegildo Lucas Justino Chiaia<sup>1</sup>, Marcos Vinicius Antunes de Lemos<sup>1</sup>, Guilherme Costa Venturini<sup>2</sup>,  
Fernando Baldi<sup>3</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>2</sup>, Marcílio Silveira Dias da Mota<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mestrando em Genética e melhoramento Animal-UNESP/Jaboticabal. e-mail: [chiaia1@yahoo.com.br](mailto:chiaia1@yahoo.com.br)

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia/FCAV – UNESP/Jaboticabal.

<sup>3</sup>Professor Assistente Doutor/FZEA – USP/Pirassicaba. [fernandobaldiuy@gmail.com](mailto:fernandobaldiuy@gmail.com)

<sup>4</sup>Professor Doutor/FCAV-UNESP/Botucatu.

**Resumo:** A identificação de interação genótipo-ambiente (IGA) é importante no âmbito da verificação de diferenças entre os ambientes de seleção e produção, pois, pode implicar em desempenho diferenciado. O presente trabalho teve como objetivo verificar a existência de interação genótipo-ambiente para conformação (C) ao sobreano em bovinos de raça Nelore, via normas de reação. Foi utilizado um modelo de regressão aleatória, que teve como regressor a média de ganho em peso pós-desmama dos animais, com variâncias residuais homogêneas e heterogêneas. Por meio do critério de informação BIC, pôde-se selecionar o modelo mais adequado o qual apresenta homogeneidade de variâncias para o resíduo. As estimativas de herdabilidade apresentaram variações de acordo com o ambiente, sendo de baixa a média magnitude (0,04 a 0,42). As correlações genéticas apresentaram estimativas entre -0,8 e 0,99 denotando a existência de IGA.

**Palavras-chave:** conformação, interação genótipo-ambiente, norma de reação

**Genotype environment interaction for conformation at yearling in Nelore Cattle using reactions norm**

**Abstract:** The aim of this study was to verify the presence or absence of genotype-environment interaction for conformation (C) at yearling in Nelore cattle, by reaction norm. A random regression model was applied, using the post weaning average weight gain of males as regressor, with homogeneous and heterogeneous residual variances. The BIC criterion indicated a model homogeneous classes of residual variances as the most appropriate to model the data. The heritability estimates for C were low and medium ranging (0,04 to 0,42). The genetic correlation estimates varied from -0,8 to 0,99 denoting genotype-environment interaction

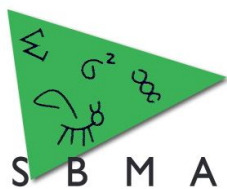
**Keywords:** conformation, genotype-environment interaction, norm reaction

**Introdução**

A interação genótipo-ambiente (IGA) é observada quando diferenças fenotípicas entre diferentes genótipos são desiguais de um ambiente para outro. Portanto, a identificação da IGA no âmbito da verificação de diferenças entre os ambientes de seleção e produção, pode implicar desempenho diferenciado e, portanto, obter resposta realizada pela seleção, inferior àquela potencialmente esperada (Falconer & Mackay, 1996). A conformação prediz visualmente a área que o animal abrange (observado de lado), olhando basicamente para o comprimento corporal e a profundidade das costelas. Esta área de abrangência do animal está intimamente ligada aos seus limites em deposição de tecido muscular. A conformação associada a outras características de escores visuais permite uma leitura crítica dos tipos biológicos que variam de ultraprecoce a extremamente tardios, buscando animais equilibrados com o ambiente em que estão sendo criados. Assim, torna-se evidente que não existe um biótipo mais eficiente para todos os sistemas de produção, mas, tipos morfológicos mais eficientes para diferentes ambientes. A correta avaliação do genótipo através do seu respectivo fenótipo é a base dos programas de melhoramento genético. Na presença de interação, essa avaliação poderá variar de um ambiente para outro, resultando na mudança da ordem do “rank” dos genótipos. Objetivou-se verificar a existência de IGA de conformação ao sobreano em bovinos Nelore, via normas de reação.

**Material e Métodos**

Foram utilizados registros de animais da raça Nelore nascidos entre 1990 e 2009. Os dados foram cedidos pelo programa de melhoramento genético Conexão Delta G. O banco de dados inicial foi de 154.892 registros. O grupo ambiental (GA) foi definido conforme a informação de ano e fazenda de nascimento dos animais. Foi utilizado o ganho de peso pós-desmama de cada grupo ambiental como medida de gradiente ambiental, ou seja, grupos ambientais com maior média de ganho de peso pós-desmama são ambientes mais favoráveis (menos



restritivos). Os GA's padronizados foram submetidos a um processo iterativo conforme descrito por Calus et al. (2004). O processo de iteração foi interrompido quando a correlação entre as posições dos GA's em duas análises consecutivas fosse maior que 0,999. Nas análises de normas de reação, foram utilizados polinômios lineares de Legendre regredidos sobre os GA's para modelar o efeito genético aditivo. Polinômios lineares de Legendre também foram utilizados para modelar o efeito fixo da tendência média da população. O modelo incluiu o efeito genético aditivo direto como efeito aleatório e, como fixo, o grupo de contemporâneos (GC). O GC foi formado por fazenda (ao nascimento e ao sobreano) e grupo de manejo (ao nascimento, a desmama e ao sobreano). Os GC com menos de cinco observações não foram considerados na análise. A variância residual foi modelada em classes, homogênea e heterogênea com cinco classes. As funções de (co)variância foram estimadas utilizando o programa Wombat. A escolha do modelo mais adequado foi realizada com base nos critérios de Log L e Bayesiano de Schwarz (BIC).

### Resultados e Discussão

Os critérios de informação de BIC indicaram que o modelo assumindo homogeneidade de variância (LogHomo) para o resíduo foi o mais adequado para modelar os componentes de (co)variância para conformação (C) nos diferentes GA (Tabela 1). As estimativas de variância genética aditiva e fenotípica obtidas pelo modelo LogHomo foram maiores nos extremos da curva (Figura 1). As estimativas de herdabilidade para C seguiram a mesma tendência que as estimativas de variâncias genética e fenotípicas variando de 0,04 a 0,42 (Figura 2). Koury Filho et al. (2010) obtiveram herdabilidade de 0,24 para C ao sobreano em bovinos de corte utilizando um modelo que não assume a presença de interação genótipo-ambiente.

Tabela 1. Modelos de regressão aleatória comparados de acordo com os critérios logaritmo da função de verossimilhança (Log L) e critério Bayesiano de Schwarz (BIC)

Modelos	p	Log L	BIC
LogHomo	4	-34.663	69.372
LogHetero	8	-34.656	69.402

LogHomo=modelo de regressão aleatória com 1 classe de variância residual; LogHetero=modelo de regressão aleatória com variâncias residuais heterogêneas com 5 classes; p=número de parâmetros. Valores de BIC expressos como desvio do melhor modelo.

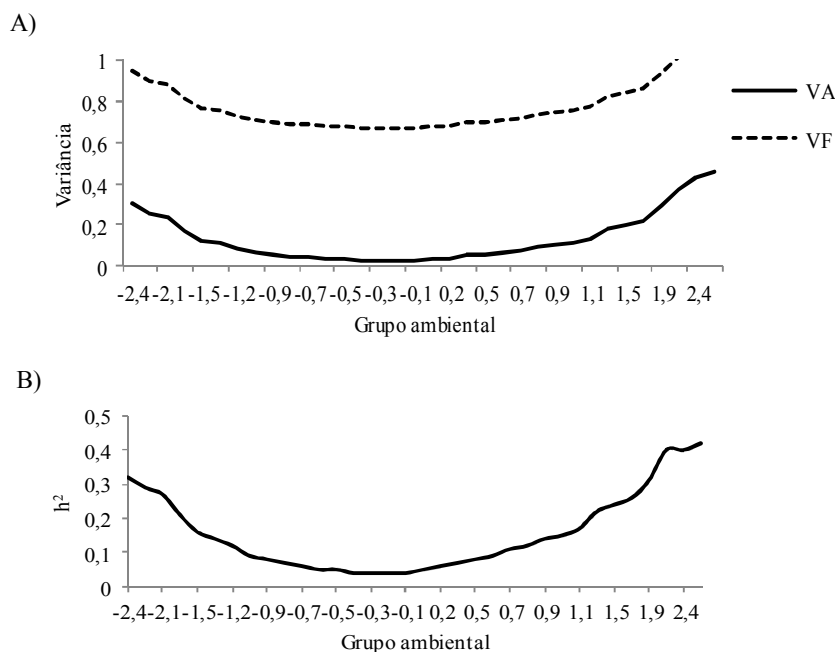
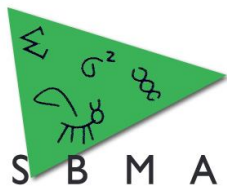


Figura 1. Estimativas de variância genética aditiva (VA) e Fenotípica (VF) (A) e herdabilidade ( $h^2$ ) (B) sobreano em função do grupo ambiental.



As estimativas de correlação genética para C entre os grupos ambientais apresentam uma superfície (Figura 2), com valores variando de -0,85 a 0,99. Neste sentido, quando se seleciona animais para maior C em um ambiente favorável, estes não apresentarão o mesmo ganho genético quando submetidos a um ambiente desfavorável. Tendo em vista afirmações de Robertson (1959), valores de correlação genética menores que 0,8 indicam que a interação genótipo-ambiente passa a assumir papel importante na expressão da característica.

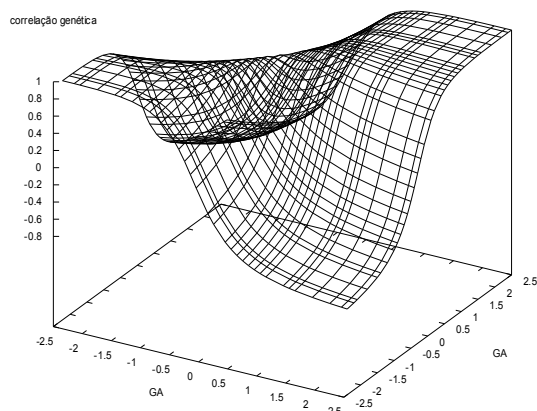


Figura 2. Estimativas de correlação genética para conformação entre os diferentes grupos ambientais.

### Conclusões

Foi constatada interação genótipo-ambiente para o escore de conformação ao sobreano, desta maneira, é necessário considerar esse efeito nas avaliações genéticas para características de escores visuais.

### Literatura citada

- CALUS, M.P.L.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R.F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. **Genetics, Selection and Evolution**, v.36, p. 489-507. 2004.
- CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M.; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo da interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicada ao ganho pós desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44. 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. p.608.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 1996. 464p.
- JÚNIOR, M. L. S. Interação genótipo x ambiente em bovinos de corte compostos. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos. Universidade de São Paulo. 2011. 102p
- KOURI FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; FORNI, S.; SILVA, J. A. V.; YAKOO, M. J.; ALENCAR, M. M. Estimativas de parâmetros genéticos para escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p.1015-1022. 2010.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485, 1959.