



## 48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

*O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios*

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



### **Interação genótipo x ambiente para ganho de peso pós-desmama de bovinos de corte compostos<sup>1</sup>**

Mário Luiz Santana Júnior<sup>2</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>3</sup>, Fernando Flores Cardoso<sup>4</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Pesquisa financiada pela FAPESP

<sup>2</sup>Professor do Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas da Universidade Federal de Mato Grosso, Campus Rondonópolis-MT. e-mail: 10mario@gmail.com

<sup>3</sup>Professor do Departamento de Ciências Básicas da FZEA-USP, Pirassununga-SP

<sup>4</sup>Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul – Bagé-RS

**Resumo:** Foram estimados parâmetros genéticos para a característica ganho de peso pós-desmama (GP), com o objetivo de verificar a presença de interação genótipo x ambiente (GxE). Os ambientes foram definidos com base em variáveis climáticas e geográficas das fazendas por meio de técnicas de análise multivariada. Foram formados 6 grupos geoclimáticos de fazendas, sendo então o GP em um grupo, considerado como característica diferente em relação a outro grupo. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,04 a 0,20, evidenciando heterogeneidade de variâncias. As correlações genéticas entre os grupos geoclimáticos variaram de 0,31 a 0,93, sendo a GxE mais pronunciada entre os grupos 1 e 3, 1 e 4. Estes grupos estavam justamente localizados nas regiões mais distintas entre si com relação às variáveis geoclimáticas. Foi constatada GxE entre a maioria dos grupos geoclimáticos de fazendas, evidenciando que a avaliação genética dos animais, neste caso, deveria ser feita regionalmente ou a GxE ser incluída no modelo estatístico.

**Palavras-chave:** análise de agrupamento, correlação genética, herdabilidade, precipitação, temperatura

### **Genotype x environment interaction for postweaning gain of composite beef cattle**

**Abstract:** Genetic parameters were estimated for postweaning gain (PWG), aiming to verify the presence of genotype x environment interaction (GxE). The environments were defined based on climatic and geographical variables of farms through multivariate analysis. Six geoclimatic groups of farms were formed, and then the PWG in a group, considered as a different trait from the other group. Heritability estimates ranged from 0.04 to 0.20, indicating heterogeneity of variances. Genetic correlations between geoclimatic groups ranged from 0.31 to 0.93, being the most pronounced GxE between groups 1 and 3, 1 and 4. These groups were located precisely in the most distinct environments. GxE was found between the majorities of geoclimatic groups of farms, showing that the genetic evaluation of animals in this case should be made regionally or GxE be included in the statistical model.

**Keywords:** cluster analysis, genetic correlation, heritability, rainfall, temperature

### **Introdução**

A identificação da presença de interação genótipo x ambiente (GxE) é relevante para os programas de melhoramento genético, já que os melhores animais em um determinado ambiente, podem não ter a progênie de melhor desempenho quando esta for criada em ambiente diferente daquele em que os pais foram selecionados. A GxE torna-se ainda mais importante para a avaliação genética de animais criados em países como o Brasil, onde há grande diversidade de sistemas de produção, clima e geografia.

Para constatar a presença de GxE, Falconer (1952) propôs que uma mesma característica, em ambientes diferentes, poderia ser interpretada como características diferentes, pois os genes que a controlam em um determinado ambiente podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro ambiente. Nosso objetivo com o presente estudo foi caracterizar e definir ambientes homogêneos de produção de bovinos compostos no Brasil em relação às variáveis climáticas e geográficas e verificar a presença de GxE para ganho de peso pós-desmama (GP) nestes ambientes.



### Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de 38 fazendas situadas nos estados brasileiros de GO, MG, MS, MT, PA, RS e SP, participantes do Programa de Melhoramento Genético do Composto Montana Tropical®, da empresa CFM-Leachman Pecuária Ltda.. Foram utilizadas 41.842 informações de GP, de animais nascidos entre 1995 e 2008, filhos de 276 touros e 29.242 vacas, pertencentes a 803 grupos de contemporâneos. O pedigree completo incluiu 104.950 animais. Todas as observações foram previamente ajustadas para composição racial materna e heterozigoses individual e materna. Foram eliminadas informações que excederam 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média da característica.

As informações climáticas históricas utilizadas foram a temperatura mínima média, máxima média e precipitação e as geográficas latitude, longitude e altitude. Inicialmente foi realizada análise de agrupamento hierárquico pelo método centróide e em seguida procedeu-se a análise de agrupamento não hierárquico k-médias por meio do programa SAS (2003). Para ambas, o coeficiente de semelhança utilizado para avaliar a similaridade climática e geográfica entre os municípios foi a distância euclidiana. Para a estimação dos parâmetros genéticos, foi realizada análise multicaracterística sob modelo animal por meio do programa REMLF90 (Misztal, 2002). O GP em um grupo geoclimático foi considerado como característica distinta em relação a outro grupo. O modelo estatístico para GP incluiu o efeito fixo de grupo contemporâneo (fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo), as covariáveis idade da mãe ao parto (linear e quadrático), data juliana do nascimento (linear, quadrático e cúbico), idade ao desmame (linear), idade ao sobreano (linear) e os efeitos aleatórios de animal, materno e ambiente permanente materno.

### Resultados e Discussão

Foram formados seis grupos geoclimáticos de fazendas. As estimativas dos parâmetros genéticos para GP nos ambientes estudados indicam heterogeneidade de variâncias, implicando em resposta à seleção diferenciada de acordo com o ambiente em que os animais são criados e selecionados (Tabela 1).

Tabela 1- Componentes de covariância para ganho de peso pós-desmama nos respectivos grupos geoclimáticos de fazendas (GGF).

GGF	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{mp}^2$	$\sigma_e^2$
1	52,41	18,30	4,23	420,31
2	53,64	1,75	2,16	373,53
3	107,82	3,93	3,34	512,23
4	103,11	2,20	2,18	457,32
5	57,68	1,97	1,91	541,12
6	93,82	2,14	1,79	414,50

$\sigma_a^2$  = variância devido ao efeito genético aditivo;  $\sigma_m^2$  = variância devido ao efeito genético aditivo materno;  $\sigma_{mp}^2$  = variância devido ao efeito de ambiente permanente materno;  $\sigma_e^2$  = variância devido ao efeito residual

Os parâmetros genéticos obtidos nos seis grupos são apresentados na Tabela 2. Com exceção da estimativa de herdabilidade encontrada no grupo 5, as demais estimativas foram semelhantes às relatadas na literatura.

Tabela 2- Estimativas de herdabilidade (diagonal) e correlações genéticas (abaixo da diagonal) para ganho de peso pós-desmama nos respectivos grupos geoclimáticos de fazendas (GGF).

GGF	1	2	3	4	5	6
1	<b>0,10</b>	0,83	0,31	0,49	0,69	0,62
2		<b>0,13</b>	0,67	0,81	0,90	0,86
3			<b>0,19</b>	0,89	0,80	0,80
4				<b>0,20</b>	0,89	0,93
5					<b>0,04</b>	0,91
6						<b>0,20</b>



## 48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

*O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios*

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



A estimativa de herdabilidade foi menor para o grupo 5 localizado na região sul do Brasil. Já a estimativa de herdabilidade mais alta foi observada nos grupos 3, 4, e 6 (região centro-oeste, norte e sudeste). Estes resultados sugerem serem os grupos 3, 4 e 6 os ambientes mais homogêneos e propícios para que os animais manifestem todo seu potencial genético para a característica estudada.

Segundo Falconer & Mackay (1996), a herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente a que o animal é submetido, enquanto a variância ambiental é dependente das condições de produção e manejo – maior variação ambiental reduz a herdabilidade; mais uniformidade do ambiente provoca aumento da herdabilidade. Essas diferenças entre coeficientes de herdabilidade podem ser devidas à ação de diferentes conjuntos de genes sobre as características.

As estimativas de correlação genética foram de baixa a alta magnitude para os diferentes grupos geoclimáticos de fazendas. Conforme Robertson (1959), valores de correlação genética abaixo de 0,80 são indícios da existência de GxE. Neste caso, a GxE foi mais pronunciada para os grupos 1 (sudeste) e 3 (centro-oeste), 1(sudeste) e 4(norte) que são grupos que se localizam em regiões de distintas condições geoclimáticas.

### Conclusões

Os procedimentos multivariados utilizados permitiram simplificar e caracterizar ambientes homogêneos de produção. Foi constatada GxE entre a maioria dos grupos geoclimáticos de fazendas, evidenciando que a avaliação genética dos animais, neste caso, deveria ser feita regionalmente ou a GxE ser incluída no modelo estatístico.

### Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio financeiro.  
À CFM-Leachman Pecuária Ltda. pela cessão do banco de dados.

### Literatura citada

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

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

MISZTAL, I. **REMLF90 manual**. [2002]. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf>> Acesso em: 27/11/2009.

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

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.