



## Estudo da interação genótipo × ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando-se inferência bayesiana<sup>1</sup>

Arthur dos Santos Mascioli<sup>2</sup>, Maurício Mello de Alencar<sup>3</sup>, Alfredo Ribeiro de Freitas<sup>3</sup>, Elias Nunes Martins<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Parte da tese de Doutorado do primeiro autor, UNESP/Jaboticabal. Bolsista da FAPESP.

<sup>2</sup> Colegiado de Zootecnia, Universidade Federal do Vale do São Francisco, Petrolina, PE.

<sup>3</sup> Embrapa Pecuária Sudeste. Bolsista do CNPq.

<sup>4</sup> Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá. Bolsista do CNPq.

**RESUMO** - Avaliou-se a interação genótipo × ambiente em um rebanho da raça Canchim por meio de estimativas de parâmetros genéticos dos pesos à desmama e aos 12 meses de idade, do ganho de peso diário entre essas idades e do desempenho estimado por um índice obtido de componentes principais envolvendo essas três características. O ambiente foi representado por época de nascimento (primeiro e segundo semestres) e os parâmetros genéticos foram obtidos em análises bicaráter (mesma característica nas duas épocas), utilizando-se a metodologia de inferência bayesiana, por meio de amostrador de Gibbs, cujo modelo incluiu os efeitos fixos de sexo, ano e mês de nascimento do animal e idade da vaca ao parto (linear e quadrática) e os efeitos aleatórios de animal e resíduo. Houve evidências de interação genótipo × época de nascimento para as características estudadas, sugerindo que as avaliações genéticas e a seleção dos animais devem ser feitas considerando-se a existência dessa interação.

Palavras-chave: bovino Canchim, correlação genética, época de nascimento, herdabilidade, peso

## A study of the genotype × environment interaction for growth traits in beef cattle using Bayesian inference

**ABSTRACT** - The objective of this study was to evaluate the genotype × environment interaction for weaning and yearling weights, daily weight gain from weaning to 12 months of age and the growth performance in Canchim (5/8 Charolais + 3/8 Zebu) beef cattle estimated by a principal components analysis including those three traits. The environment was defined by season of birth (first and second semesters of the year). Genetic parameters were estimated by bayesian method with the Gibbs sampler using bivariate analyses (considering the trait in each of the two seasons as a different one) and models that included the fixed effects of year and month of birth, sex and age of cow (linear and quadratic) and the random effects of animal and residual. The results suggested that genetic evaluation and selection in Canchim beef cattle for the traits studied should consider the genotype and season of birth interaction.

Key Words: body weight, Canchim cattle, genetic correlation, heritability, season of birth

### Introdução

A interação genótipo × ambiente é de especial interesse quando se verifica que genótipos superiores em determinado ambiente podem não o ser em ambiente diferente. Essa interação pode também provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, conseqüentemente, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (Alencar et al., 2005). Pode também causar heterogeneidade de variâncias e resultar em seleção equivocada de animais (Martins, 2002).

No Brasil, em bovinos de corte, a preocupação maior com a possibilidade de existência de interação genótipo × ambiente surgiu com o início da utilização de dados de campo na avaliação de touros, nos anos 80. Na raça Nelore, alguns autores (Nobre et al., 1987; 1988; Euclides Filho et al., 1991; Eler et al., 2000; Ferreira et al., 2001; Souza et al., 2003; Toral et al., 2004) observaram interação de touro e região, microrregião, fazenda, rebanho e/ou estação de nascimento para características de crescimento.

Na raça Canchim, Alencar (1985) utilizou a metodologia de quadrados mínimos para estudar a interação touro × época de nascimento para os pesos ao nascimento e à desmama de bezerros, enquanto Alencar et al. (2005)

adotaram a metodologia de máxima verossimilhança restrita para estudar a importância dessa interação sobre os pesos à desmama e aos 12 meses de idade.

O objetivo neste trabalho foi complementar esses dois estudos, ou seja, estudar a interação genótipo  $\times$  ambiente para características de peso de bovinos Canchim, nascidos em duas épocas do ano, utilizando-se inferência bayesiana. A inferência bayesiana fornece distribuição amostral *a posteriori* de parâmetros (variâncias, covariâncias, correlações genéticas e herdabilidades) e sumários (médias e modas) de interesse, permitindo a construção de gráficos e de intervalos de credibilidade por meio dos quais é possível analisar a interação genótipo  $\times$  ambiente.

## Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do rebanho de bovinos da raça Canchim, pertencente à Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Os animais foram criados em regime exclusivo de pastagem, em rebanho fechado desde sua formação, porém, no período considerado neste trabalho, foram evitados acasalamentos consanguíneos. De 1953 a 1962, em 1965 e 1966, de 1981 a 1989 e de 1992 a 1999, as estações de monta tiveram início no segundo semestre e término ao final do ano ou início do ano seguinte. Em 1963, 1964, 1967, 1968, 1970, 1975 e 1976, as estações de monta tiveram início no final do segundo semestre e término no final do ano ou início do ano seguinte. Em 1969 e 1978, as estações de monta tiveram início no primeiro semestre e término em maio ou julho. De 1971 a 1974, em 1977, 1979, 1980, 1990 e 1991, ocorreram duas estações de monta anuais: uma com início, em geral, em meados do primeiro semestre e outra com início no final do segundo semestre. As estações de monta tiveram durações variáveis, com nascimentos em todos os meses do ano, mas com maior concentração no segundo semestre.

Foram estudados os pesos à desmama (PD) e aos 12 meses de idade (P12) e o ganho de peso diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) de animais nascidos em duas épocas do ano (primeiro e segundo semestres). Considerando os valores fenotípicos de PD, P12 e GDA, efetuou-se a análise de componentes principais, utilizando o procedimento PRINCOMP (SAS, 1996), para obtenção de um índice relacionando essas características. O primeiro componente principal,  $CPG = 0,5342PD + 0,7388P12 + 0,4199GDA$ , que explicou 79,0% da variação total, indicando maior contribuição de P12, seguido de PD e de GDA, foi considerado também uma característica de estudo.

Os dados de PD e P12 foram padronizados para 240 e 365 dias de idade, respectivamente, utilizando-se os ganhos diários do nascimento à desmama e da desmama aos 12 meses de idade, respectivamente.

A existência ou não de interação genótipo  $\times$  ambiente, em que os índices 1 e 2 são associados às épocas 1 e 2, respectivamente, foi avaliada com base nas estimativas de variâncias genéticas aditivas ( $V_{a1}$ ,  $V_{a2}$ ) e residuais ( $V_{e1}$ ,  $V_{e2}$ ) nas duas épocas de nascimento, nas razões entre as variâncias genéticas aditivas ( $R_{a12} = V_{a1}/V_{a2}$ ) e residuais ( $R_{e12} = V_{e1}/V_{e2}$ ), nas herdabilidades ( $h_1^2, h_2^2$ ), na razão entre as herdabilidades ( $R_{h^2_{12}} = h_1^2/h_2^2$ ), na correlação genética ( $r_g$ ) entre as características nas duas épocas e nos índices  $Rr = h_1 h_2 r_g / h_1^2$  e  $W = h_2 / h_1$  apresentados por Cameron (1993; 1997), que medem a resposta relativa na época 1 quando a seleção é baseada na época 2 e a resposta relativa predita na época 1 quando a seleção é baseada na época 2 sem considerar a interação genótipo  $\times$  ambiente, respectivamente, considerando-se variâncias fenotípicas e intensidades de seleção iguais.

Para obtenção dos componentes de variância e de covariância, foram realizadas análises unicaráter e bicaráter, tomando-se a mesma característica como características diferentes em função da época de nascimento, por meio de inferência bayesiana, utilizando-se o amostrador de Gibbs, pelo programa MTGSAM (Van Tassel & Van Vleck, 1995). O modelo misto incluiu os efeitos fixos de sexo, ano e mês de nascimento do animal, além dos efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e dos efeitos aleatórios aditivo direto e residual.

Foram considerados um período de descarte (*burning*) de 30.000 ciclos de um total de 330.000 ciclos e uma frequência de retirada das amostras a cada 100 ciclos (*thinning interval*), resultando em 3.000 amostras de variâncias e covariâncias. Os valores iniciais para as estimativas de variâncias e covariâncias genéticas e residuais foram obtidos da literatura sobre a raça Canchim. Para a distribuição *a priori* das variâncias e covariâncias genéticas e residuais, considerou-se o parâmetro escala igual a 6 e 5, respectivamente.

Apenas os dados de desempenho dos animais criados em regime exclusivo de pastagens foram considerados. Dos animais que receberam suplementação, incluíram-se apenas as identificações e os *pedigrees* para calcular a matriz de parentesco. A estrutura dos dados utilizada neste estudo é apresentada na Tabela 1.

Tabela 1 - Estrutura dos dados dos pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, do ganho de peso médio diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e do primeiro componente principal (CPG) combinando PD, P12 e GDA para os animais nascidos no 1<sup>o</sup> (S1) e 2<sup>o</sup> (S2) semestres do ano

Table 1 - Structure of the data for weaning (WW) and 12-month (W12) weights, daily gain from weaning to 12 months of age (ADG) and first principal component (PC) combining WW, W12 and ADG, for Canchim cattle born in the 1<sup>st</sup> (S1) and 2<sup>nd</sup> (S2) semesters

	S1				S2			
	PD WW	P12 W12	GDA ADG	CPG PC	PD WW	P12 W12	GDA ADG	CPG PC
Registros (Records)	1.791	1.639	1.607	1.605	3.788	3.369	3.278	3.278
Ano nasc. (Year)	35	35	35	35	38	38	38	38
Mês nasc. (Month)	6	6	6	6	6	6	6	6
Sexo (Sex)	2	2	2	2	2	2	2	2
Média (Mean), kg	198	234	0,29	278	205	205	0,02	259
Mín. (Min.), kg	90	104	-0,70	129	90	95	-0,75	126
Máx. (Max.), kg	305	368	1,32	431	318	327	1,30	400
DP <sup>1</sup> (SD), kg	36	45	0,22	49	38	40	0,22	45
CV <sup>2</sup> , %	18	19	77	18	18	19	915	17

<sup>1</sup> Desvio-padrão (Standard deviation).

<sup>2</sup> Coeficiente de variação (Coefficient of variation).

## Resultados e Discussão

Observaram-se coeficientes de variação moderados para PD, P12 e CPG e coeficientes de variação elevados para a característica ganho de peso médio diário nos dois semestres de nascimento (Tabela 1). Como é comum a ocorrência de perda de peso nos animais após a desmama, principalmente naqueles nascidos no segundo semestre do ano, o ganho de peso, por ser obtido por meio de diferenças e quocientes de pesos, incluiu em sua variabilidade todas as características negativas associadas aos pesos, refletindo diretamente na sua magnitude e variabilidade. No rebanho estudado neste trabalho, o coeficiente de variação de GDA foi muito maior para os animais nascidos no segundo semestre (915%) que para aqueles nascidos no primeiro semestre (77%), visto que a média foi próxima de zero para os animais nascidos no segundo semestre. Portanto, pode-se inferir que os dados de ganho de peso foram bastante afetados na sua variância, simetria e normalidade e, embora essas propriedades sejam importantes nos estimadores de parâmetros genéticos, optou-se por não aplicar nenhum tipo de transformação aos dados.

Nas Figuras 1 e 2, associadas às características PD e GDA, foram consideradas as 3.000 amostras de variâncias e covariâncias, na ordem em que foram geradas pelo amostrador de Gibbs (GS). Nessas figuras, são apresentadas nove estimativas de componentes e índices: variâncias genética aditiva ( $V_{a1}$ ,  $V_{a2}$ ) e residual ( $V_{e1}$ ,  $V_{e2}$ ), razão entre as variâncias genética aditiva ( $R_{a12} = V_{a1}/V_{a2}$ ), razão entre as variâncias residuais ( $R_{e12} = V_{e1}/V_{e2}$ ), herdabilidades ( $h_1^2$ ,  $h_2^2$ ), razão entre as herdabilidades ( $R_{h^2} = h_1^2/h_2^2$ ), correlação genética ( $r_g$ ) entre as características nas duas épocas e os índices  $R_r = h_1 h_2 r_g / h_1^2$  e  $W = h_2 / h_1$  apresen-

tados por Cameron (1997), que envolvem a herdabilidade da característica nas épocas 1 e 2 e a correlação genética entre elas (as cores preta e cinza indicam as épocas 1 e 2, respectivamente). As figuras relativas às características P12 e CPG não são apresentadas, pois seguiram padrão semelhante ao das características PD e GDA.

Algumas informações obtidas nas Figuras 1 e 2 são indicativas da existência da interação genótipo × época: 1) a distinção entre as cores ou a não sobreposição delas nas Figuras; 2) a oscilação da correlação genética para valores inferiores a 1 representa ordenamento diferenciado dos genótipos nos dois ambientes; e 3) valores de  $R_r$  diferentes de 1,0. Para PD (Figura 1), houve predominância da cor cinza sobre a preta, sugerindo que  $V_{a2}$  foi, na maioria das vezes, maior que  $V_{a1}$ . Para GDA (Figura 2), no entanto, houve sobreposição das cores, indicando similaridade entre estas duas características. Para as características P12 e CPG (as Figuras foram omitidas),  $V_{a1}$  foi maior que  $V_{a2}$ , pois a cor preta ficou predominantemente acima da cinza. Quanto às variâncias residuais, a cor cinza ficou acima da cor preta para PD (Figura 1), indicando que  $V_{e2}$  foi maior que  $V_{e1}$ , enquanto a sobreposição entre as duas cores para GDA (Figura 2) indica similaridade entre elas. Para P12, a cor preta ficou acima da cinza, indicando que  $V_{e1}$  foi maior que  $V_{e2}$ , verificando-se sobreposição entre as duas cores para CPG, o que reflete similaridade entre as duas estimativas.

Observou-se ainda que as amplitudes das estimativas das variâncias genética e residual foram maiores na época 1, o que resultou em estimativas de herdabilidade predominantemente maiores na época 1 para PD, P12 e CPG e semelhantes nas duas épocas para GDA, sugerindo, portanto, a existência da interação genótipo × época (G × E) para PD, P12 e CPG. Outro fato que sugere a existência de G × E é que

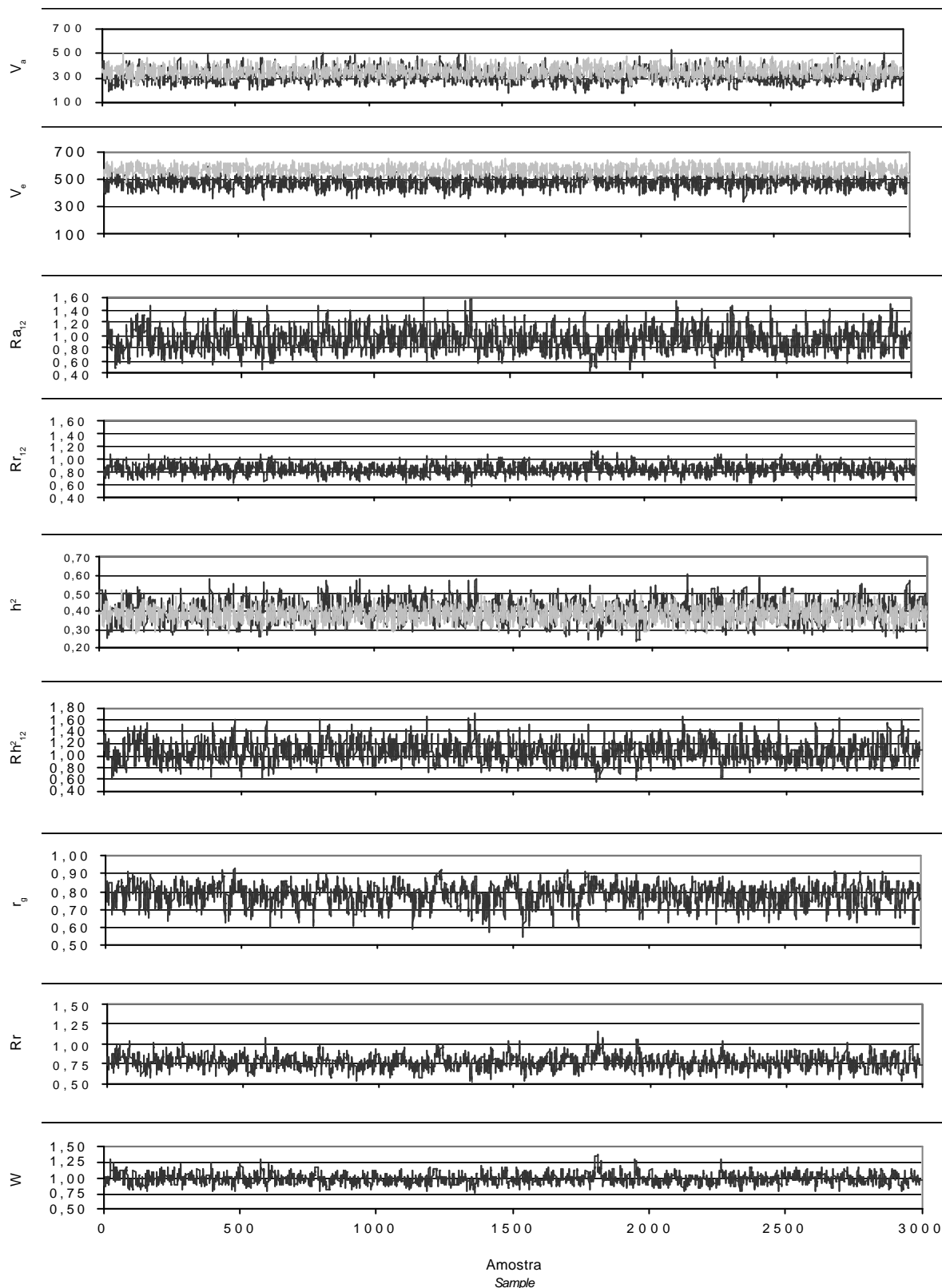


Figura 1 - Histórico da amostragem das variâncias aditiva direta ( $V_a$ ) e residual ( $V_e$ ), razões das variâncias aditivas diretas ( $Ra_{12}$ ) e residuais ( $Rr_{12}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), razão de herdabilidades ( $Rh^2_{12}$ ), correlação genética ( $r_g$ ), resposta relativa da seleção indireta ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h^2_1$ ) e eficiência relativa da seleção sem interação ( $W = h_2 / h_1$ ) para o peso à desmama. Para  $V_a$ ,  $V_e$  e  $h^2$ , a cor preta refere-se à época 1 e a cinza, à época 2.

Figure 1 - Ordered samples of additive direct ( $V_a$ ) and residual ( $V_e$ ) variances, ratios between seasons for additive direct ( $Ra_{12}$ ) and residual ( $Rr_{12}$ ) variances, heritability ( $h^2$ ), ratio between seasons for heritabilities ( $Rh^2_{12}$ ), genetic correlation ( $r_g$ ), relative response to indirect selection ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h^2_1$ ), and relative selection efficiency without interaction ( $W = h_2 / h_1$ ) for weaning weight. For  $V_a$ ,  $V_e$  and  $h^2$ , black color is used for season 1 and gray color is used for season 2.

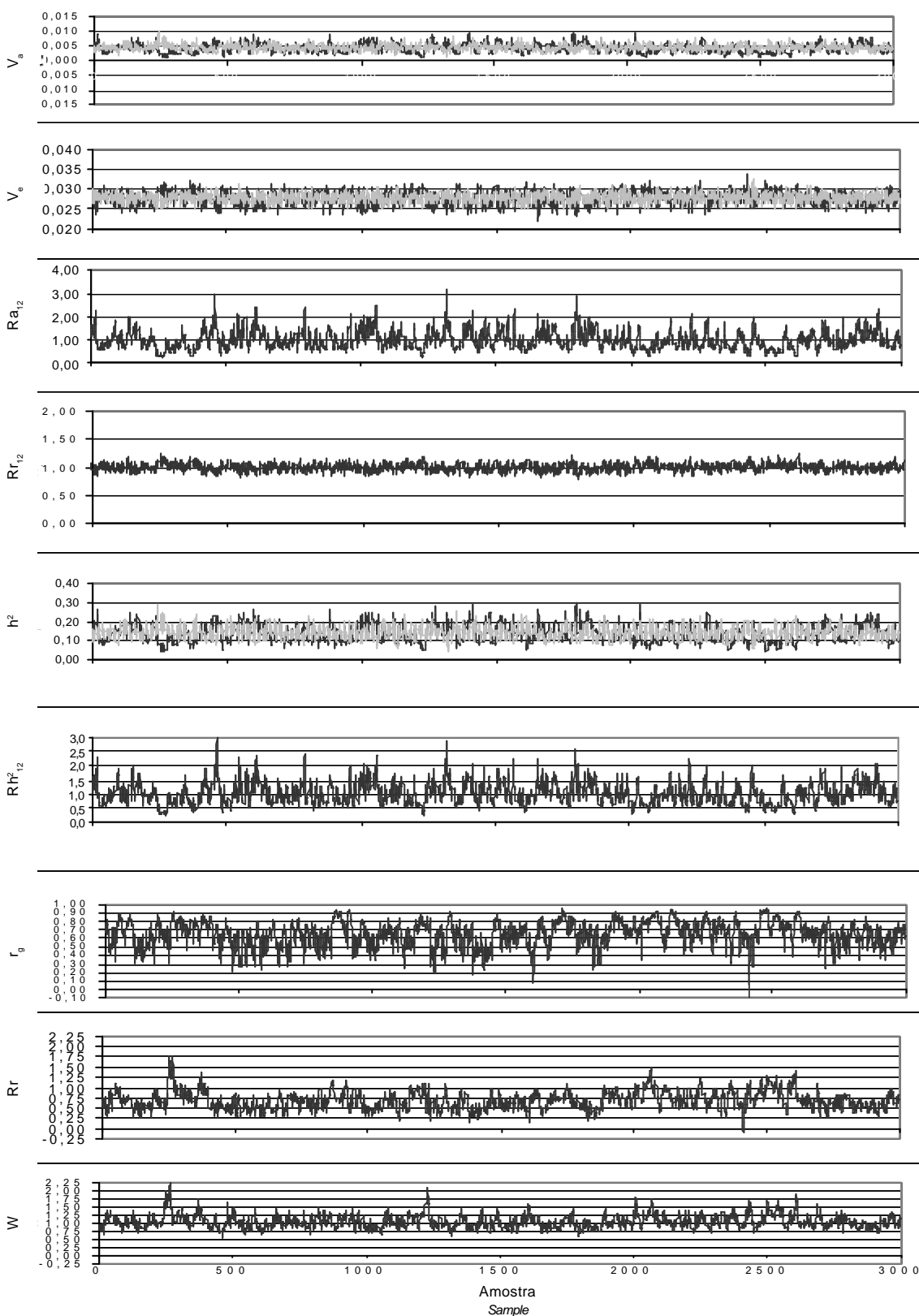


Figura 2 - Histórico da amostragem das variâncias aditiva direta ( $V_a$ ) e residual ( $V_e$ ), razões das variâncias aditivas diretas ( $Ra_{12}$ ) e residuais ( $Rr_{12}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), razão de herdabilidades ( $Rh^2_{12}$ ), correlação genética ( $r_g$ ), resposta relativa da seleção indireta ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h_1^2$ ) e eficiência relativa da seleção sem interação ( $W = h_2 / h_1$ ) para o ganho diário da desmama aos 12 meses de idade. Para  $V_a$ ,  $V_e$  e  $h^2$ , a cor preta refere-se à época 1 e a cinza, à época 2.

Figure 2 - Ordered samples of additive direct ( $V_a$ ) and residual ( $V_e$ ) variances, ratios between seasons for additive direct ( $Ra_{12}$ ) and residual ( $Rr_{12}$ ) variances, heritability ( $h^2$ ), ratio between seasons for heritabilities ( $Rh^2_{12}$ ), genetic correlation ( $r_g$ ), relative response to indirect selection ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h_1^2$ ), and relative selection efficiency without interaction ( $W = h_2 / h_1$ ) for daily gain from weaning to yearling. For  $V_a$ ,  $V_e$  and  $h^2$ , black color is used for season 1 and gray color is used for season 2.

Tabela 2 - Valores de assimetria e curtose para os parâmetros estimados para os pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, o ganho de peso médio diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e o primeiro componente principal (CPG) combinando PD, GDA e P12

Table 2 - Asymmetry and kurtosis values of the estimated parameters for weaning (WW) and 12-month (W12) weights, daily gain from weaning to 12 months of age (ADG) and first principal component (PC) combining WW, W12 and ADG

Parametro <sup>1</sup> Parameter	PD		P 12		GDA		CPG	
	WW		W12		ADG		PC	
	Ass.	Curt.	Ass.	Curt.	Ass.	Curt.	Ass.	Curt.
$V_{a1}$	0,26	0,28	0,31	0,32	0,48	0,02	0,25	0,24
$V_{a2}$	0,11	0,02	0,22	0,02	0,43	0,60	0,12	0,04
$V_{e1}$	0,05	0,20	-0,05	0,00	0,01	-0,14	0,08	0,19
$V_{e2}$	0,06	-0,07	-0,01	0,06	0,10	0,05	0,07	-0,02
$h_1^2$	0,02	0,11	-0,13	-0,03	0,39	-0,13	-0,02	0,08
$h_2^2$	-0,02	-0,03	0,10	-0,07	0,33	0,40	-0,06	-0,01
$R_{a12} = V_{a1}/V_{a2}$	0,52	0,96	0,46	0,47	0,77	0,75	0,54	0,85
$R_{e12} = V_{e1}/V_{e2}$	0,16	0,18	0,13	0,08	0,13	0,00	0,21	0,35
$R_{h12} = h_1^2/h_2^2$	0,34	0,60	0,38	0,34	0,75	0,74	0,37	0,58
$r_g$	0,49	0,21	-0,99	1,44	-0,44	-0,01	-0,47	0,20
$Rr = h_1 * h_2 * r_g / h_1^2$	0,24	0,36	0,07	0,19	0,65	0,97	-0,28	0,54
$w = h_2/h_1$	0,42	0,49	0,34	0,25	0,97	1,76	0,41	0,54

<sup>1</sup>  $V_a, V_e, h^2, R_{a12}, R_{e12}, R_{h12}, r_g, Rr$  e  $W =$  componentes de variância aditivo direto e residual, herdabilidade, relação entre os componentes de variância aditivo direto, relação entre os componentes de variância residual, relação entre as herdabilidades, correlação genética, resposta relativa na época 1 considerando a interação, e resposta relativa na época 1 sem considerar a interação. Números em subscrito referem-se às épocas de nascimento.

<sup>1</sup>  $V_a, V_e, h^2, R_{a12}, R_{e12}, R_{h12}, r_g, Rr$  and  $W =$  additive direct and residual components of variance, heritability, ratios between seasons for additive direct variances, ratios between seasons for residual variances, ratios between seasons for heritabilities, genetic correlation, and relative responses in season 1 considering and not considering the interaction. Numbers in subscripts refer to seasons of birth.

os valores da correlação genética oscilaram com grande amplitude, estando sempre abaixo de 1,0 para todas as características.

Os dois índices citados por Cameron (1993; 1997),  $Rr = h_1 h_2 r_g / h_1^2$  e  $W = h_2 / h_1$ , também sugeriram a existência de  $G \times E$ . Os valores de  $Rr$  oscilaram entre 0,62 e 0,95 para PD; 0,69 e 1,04 para P12; 0,32 e 1,16 para GDA; e 0,63 e 0,97 para CPG, de modo que, selecionando-se com base no desempenho na época 2, a resposta deverá ser menor para os animais criados na época 1. Quanto aos valores de  $W$ , houve bastante oscilação, mas mantiveram-se mais concentrados em torno de 1,00, indicando que, se a seleção for praticada dentro de cada época, as respostas serão semelhantes nas duas épocas.

Na Figura 3 são demonstradas as distribuições posteriores das variâncias e de suas funções para a característica PD. As figuras relativas às características P12, GDA e CPG não são apresentadas, pois seguiram padrão semelhante ao de PD.

Com base nos coeficientes de assimetria e de curtose (Tabela 2) e na observação das formas das distribuições (Figura 3 para PD), pode-se inferir que as distribuições posteriores foram próximas da normal, sendo que as apresentadas pelas variâncias genéticas e residuais e pelas herdabilidades foram as que mais se aproximaram; os índices, por outro lado, tiveram afastamento maior dessa distribuição. Este comportamento mostra um fato conhecido, ou seja, as razões entre duas ou mais variáveis aleatórias

podem não se ajustar a uma distribuição normal, mesmo quando as variáveis individualizadas têm essa distribuição.

Para cada parâmetro da Tabela 2, foram obtidos dois intervalos de credibilidade com 95% de probabilidade (Tabela 3). O primeiro (IC\_M) foi obtido após ordenar as 3.000 amostras e considerar os limites inferior e superior do intervalo como os elementos de posições 76° e 2925°, descartando-se os 75 primeiros e os últimos elementos, que corresponderam a 100( $\alpha/2$ )% do total de valores. O segundo (IC\_D) foi determinado por  $\bar{X} \pm 1,96\sigma$ , em que  $\bar{X}$  e  $\sigma$  são, respectivamente, a média e o desvio-padrão amostrais e 1,96 o ponto de truncamento da distribuição t para 97,5% de probabilidade com grau de liberdade infinito. Naturalmente, quanto mais similares os dois IC para uma característica, mais a distribuição posterior se ajusta à normal. Observando-se a Tabela 3, pode-se considerar, para todas as estimativas, que os dois intervalos de confiança foram similares, tanto para P12 quanto para CPG. Para PD, os dois intervalos de confiança diferiram para  $V_{a1}$ ,  $V_{a2}$ ,  $V_{e1}$ ,  $V_{e2}$  e  $R_{h12} = h_1^2/h_2^2$ , enquanto, para GDA, os dois intervalos diferiram para  $V_{a1}$ ,  $V_{a2}$ ,  $R_{a12}$ ,  $R_{h12}$ ,  $r_g$ ,  $Rr$  e  $W$ .

A análise individualizada por parâmetro e característica comprovou que, para PD, o IC\_M para  $V_{a1}$  determinado por [252; 462], quando comparado ao IC\_M para  $V_{a2}$  ([305; 460]), apresentou distribuição mais concentrada de  $V_{a2}$ , enquanto a distribuição posterior da razão entre esses dois parâmetros ( $R_{a12} = V_{a1}/V_{a2}$ ) teve média igual a 0,94 e mediana 0,93, com IC\_M determinado por [0,62; 1,28]. Como

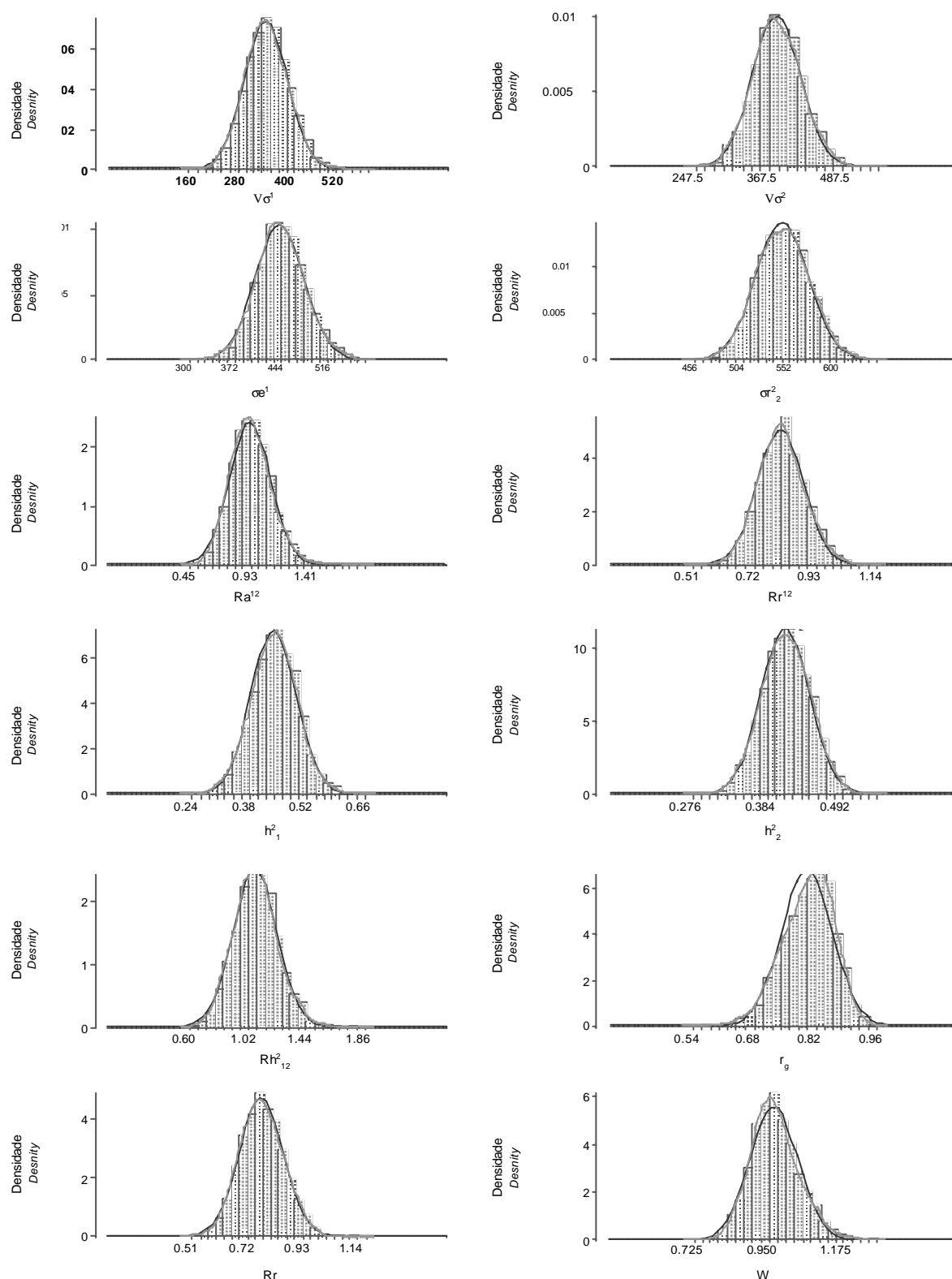


Figura 3 - Distribuições posteriores das variâncias aditiva direta ( $V_a$ ) e residual ( $V_e$ ), razões das variâncias aditivas diretas ( $Ra_{12}$ ) e residuais ( $Rr_{12}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), razões de herdabilidades ( $Rh^2_{12}$ ), correlação genética ( $r_g$ ), resposta relativa da seleção indireta ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h^2_1$ ) e eficiência relativa da seleção sem interação ( $W = h_2/h_1$ ) das 3.000 amostras associadas ao peso à desmama.

Figure 3 - Posteriori distributions of additive direct ( $V_a$ ) and residual ( $V_e$ ) variances, ratios between seasons for additive direct ( $Ra_{12}$ ) and residual ( $Rr_{12}$ ) variances, heritability ( $h^2$ ), ratios between seasons for heritabilities ( $Rh^2_{12}$ ), genetic correlation ( $r_g$ ), relative response to indirect selection ( $Rr = h_1 \cdot h_2 \cdot r_g / h^2_1$ ), and relative selection efficiency without interaction ( $W = h_2/h_1$ ) obtained from the 3,000 samples for daily gain from birth to weaning.

Tabela 3 - Intervalos de credibilidade com 95% de probabilidade, obtidos pela ordenação das amostras (IC\_M) ou pela distribuição t (IC\_D), para os parâmetros estimados para os pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, o ganho de peso médio diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e o primeiro componente principal (CPG) combinando PD, GDA e P12

Table 3 - 95% probability credibility intervals obtained by ranking the samples (IC-M) or by t distribution (IC-D) of the parameter estimates for weaning (WW) and 12-month (W12) weights, daily gain from weaning to 12 months of age (ADG) and first principal component (PC) combining WW, W12 and ADG

Est. <sup>1</sup>	PD WW		P12 W12		GDA ADG		CPG PC	
	IC_M	IC_D	IC_M	IC_D	IC_M	IC_D	IC_M	IC_D
	$V_{a1}$	[252; 462]	[300; 407]	[328; 600]	[319; 598]	[2,1; 7,4]	[3,0; 7,7]	[464; 858]
$V_{a2}$	[305; 460]	[342; 421]	[291; 475]	[288; 469]	[2,8; 6,8]	[3,6; 4,6]	[454; 707]	[444; 706]
$V_{e1}$	[370; 523]	[406; 582]	[561; 771]	[561; 773]	[24,7;30,5]	[26,1;22,4]	[568; 847]	[566; 841]
$V_{e2}$	[495; 528]	[519; 572]	[516; 665]	[517; 643]	[25,9;29,7]	[26,8;28,8]	[597; 762]	[594; 760]
$h_1^2$	[0,29;0,51]	[0,38;0,49]	[0,31; 0,51]	[0,31; ,51]	[0,07;0,22]	[0,10;0,18]	[0,36;0,60]	[0,36;0,60]
$h_2^2$	[0,31;0,45]	[0,38;0,44]	[0,32; 0,48]	[0,31;0,47]	[0,09;0,20]	[0,11;0,17]	[0,38;0,54]	[0,38;0,54]
$R_{a12}$	[0,62;1,28]	[0,77;1,10]	[0,84; 1,70]	[0,79;1,65]	[0,41;1,86]	[0,62;1,38]	[0,78;1,59]	[0,73;1,55]
$R_{e12}$	[0,68;0,99]	[0,73;0,90]	[0,95; 1,38]	[0,93; ,37]	[0,87;1,13]	[0,93;1,05]	[0,82;1,29]	[0,80;1,28]
$R_{h12}$	[0,76;1,40]	[1,08;1,24]	[0,75; 1,38]	[0,73;1,35]	[0,42;1,85]	[0,64;1,38]	[0,76;1,39]	[0,74;1,36]
$r_g$	[0,66;0,88]	[0,80;0,86]	[0,74; 0,96]	[0,76; ,99]	[0,34;0,90]	[0,50;0,79]	[0,68;0,91]	[0,69;0,93]
Rr	[0,62;0,95]	[0,70;0,86]	[0,69; 1,04]	[0,69;1,05]	[0,32;1,16]	[0,47;0,90]	[0,63;0,97]	[0,61;0,97]
W	[0,84;1,15]	[0,90;1,04]	[0,85;1,15]	[0,83;1,15]	[0,73;1,54]	[0,84;1,25]	[0,85;1,14]	[0,84;1,12]

<sup>1</sup>  $V_{a1}$ ,  $V_{e1}$ ,  $h_1^2$ ,  $R_{a12}$ ,  $R_{e12}$ ,  $R_{h12}$ ,  $r_g$ , Rr e W = componentes de variância aditivo direto e residual, herdabilidade, relações entre os componentes de variância aditivo direto, entre os componentes de variância residual e entre as herdabilidades, correlação genética, resposta relativa na época 1 considerando-se a interação e resposta relativa na época 1 sem considerar a interação. Números em subscrito referem-se às épocas de nascimento.

<sup>1</sup>  $V_{a1}$ ,  $V_{e1}$ ,  $h_1^2$ ,  $R_{a12}$ ,  $R_{e12}$ ,  $R_{h12}$ ,  $r_g$ , Rr and W = additive direct and residual components of variance, heritability, ratios between seasons for additive direct variances, ratios between seasons for residual variances, ratios between seasons for heritabilities, genetic correlation, and relative responses in season 1 considering and not considering the interaction. Numbers in subscript refer to seasons of birth.

Tabela 4 - Estimativas de componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas para os pesos à desmama (PD) e aos 12 (P12) meses de idade, o ganho de peso médio diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e o primeiro componente principal (CPG) combinando PD, GDA e P12 para os animais nascidos no 1<sup>o</sup> (época 1) e no 2<sup>o</sup> (época 2) semestres do ano

Table 4 - Variance and covariance components estimates, heritabilities and genetic correlations for weaning (WW) and 12-month (W12) weights, daily gain from weaning to 12 months of age (ADG) and first principal component (PC) combining WW, W12 and ADG, for Canchim cattle born in the 1<sup>st</sup> (S1) and 2<sup>nd</sup> (S2) semesters

Caract. Trait	Co(variâncias) Co(variances)					Parâmetro genético Genetic parameter		
	Época Season					Época Season		
	1		2		1 e 2	1	2	1 e 2
	$V_a$	$V_e$	$V_a$	$V_e$	$C_{a12}$	$h_a^2$	$h_a^2$	$r_g$
PD (WW)	354	445	380	546	293	0,44	0,41	0,80
P12 (W12)	458	667	378	580	363	0,41	0,39	0,88
GDA* (ADG*)	4	28	5	28	3	0,14	0,14	0,65
CPG	649	704	575	678	491	0,48	0,46	0,81

<sup>1</sup>  $V_a$ ,  $V_e$ ,  $C_{a12}$ ,  $h_a^2$  e  $r$  = componentes de variância aditivo direto, residual e de covariância aditiva direta, herdabilidade direta e correlação genética, respectivamente. \* x 1.000.

<sup>1</sup>  $V_a$ ,  $V_e$ ,  $C_{a12}$ ,  $h_a^2$  and  $r$  = additive direct and residual variances, additive direct covariance, direct heritability and genetic correlation, respectively. \* x 1,000.

70% dos valores de  $R_{a12}$  foram inferiores a 1, pode-se afirmar que há probabilidade de 70% de  $V_{a1}$  ser inferior a  $V_{a2}$ . Do mesmo modo, a distribuição posterior da razão  $R_{e12} = V_{e1}/V_{e2}$  possui média de 0,82, mediana de 0,81 e IC\_M [0,68; 0,99], concentrando a maioria (98%) de seus valores abaixo de  $R_{e12} = 1$ , ou seja, há probabilidade de 98% de  $V_{e1}$  ser inferior a  $V_{e2}$ , diferença ambiental altamente significativa entre épocas.

Ainda para PD, quanto à herdabilidade, os valores para  $h_2^2$  têm distribuição bem mais concentrada que para  $h_1^2$ ,

semelhante ao que ocorreu com  $V_{a2}$  em relação à  $V_{a1}$ , confirmando que a variância genética aditiva, em comparação à variância residual, é dominante para estimar a herdabilidade (Henderson, 1984). Pela razão entre as duas estimativas ( $R_{h^2_{12}} = h_1^2/h_2^2$ ), observou-se média = mediana = 1,08 e, pela análise dos percentis, verificou-se que essas estimativas foram iguais nas duas épocas.

Para P12, as médias *a posteriori* de  $V_{a1}$  e  $V_{a2}$  foram iguais a 458,29 e 378,43 kg<sup>2</sup>, respectivamente, e  $V_{a1}/V_{a2} = 1,22$ , indicando 75% de probabilidade de



$V_{a1}$  ser maior que  $V_{a2}$ . Quanto às variâncias residuais, houve similaridade das médias nas duas épocas, ou seja,  $V_{e1} = 666,72 \text{ kg}^2$ ,  $V_{e2} = 579,79 \text{ kg}^2$  e  $V_{e1}/V_{e2} = 1,15$ , indicando probabilidade de 75% de  $V_{e1}$  ser maior que  $V_{e2}$ . Como as variâncias genéticas aditivas foram dominantes em relação às variâncias residuais no cálculo das estimativas de herdabilidade, o maior valor de  $V_{a1}$  em relação a  $V_{a2}$  proporcionou estimativas de herdabilidade semelhantes nas duas épocas, ou seja,  $h_1^2 = 0,41$ ;  $h_2^2 = 0,39$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,04$ .

Os resultados encontrados para GDA foram similares aos obtidos para P12. As médias *a posteriori* de  $V_{a1}$  e  $V_{a2}$  foram 0,0044 e 0,0046  $\text{kg}^2$ , respectivamente, e  $V_{a1}/V_{a2}$  igual a 1,00; a análise dos percentis indicou 50% de probabilidade de  $V_{a1}$  ser igual a  $V_{a2}$ . As variâncias residuais ( $V_{e1} = 0,0276 \text{ kg}^2$ ,  $V_{e2} = 0,0278 \text{ kg}^2$  e  $V_{e1}/V_{e2} = 0,99$ ) indicaram probabilidade de 50% de  $V_{e1}$  ser igual a  $V_{e2}$ . Para as herdabilidades, obtiveram-se  $h_1^2 = 0,14$ ;  $h_2^2 = 0,14$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,01$ , comprovando similaridade nas duas épocas, a exemplo de P12.

Quanto à CPG, as médias *a posteriori* de  $V_{a1}$  e  $V_{a2}$  foram iguais a 649,70  $\text{kg}^2$  e 577,41  $\text{kg}^2$  e  $V_{a1}/V_{a2} = 1,14$ , indicando 70% de probabilidade de  $V_{a1}$  ser maior que  $V_{a2}$ . As variâncias residuais ( $V_{e1} = 703,67 \text{ kg}^2$ ,  $V_{e2} = 677,28 \text{ kg}^2$  e  $V_{e1}/V_{e2} = 1,04$ ) indicaram probabilidade de 50% de  $V_{e1}$  ser igual a  $V_{e2}$ . Para as herdabilidades, obteve-se  $h_1^2 = 0,48$ ;  $h_2^2 = 0,46$  e  $h_1^2/h_2^2 = 1,05$ , resultados semelhantes aos obtidos para PD, P12 e GDA.

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos de PD, P12, GDA e CPG por época de nascimento. As correlações genéticas para as características de PD, GDA e CPG variaram de 0,65 a 0,81, valores inferiores ou próximos ao critério de Robertson (1959). Segundo esse critério, quando a correlação genética para a mesma característica em ambientes diferentes é menor que 0,80, existe interação genótipo × ambiente (G x A). Henderson (1984) argumenta que, em situações de correlação genética unitária ou próxima de 1, com variâncias genéticas aditivas e residuais que variam sem proporcionalidade entre os ambientes, proporcionando estimativas de herdabilidade também variáveis de acordo com o ambiente, pode existir pequena G x A. Neste trabalho, houve pequenas diferenças nas variações das variâncias aditivas e residuais entre semestres, resultando em estimativas de herdabilidade semelhantes entre os semestres.

Os resultados obtidos neste estudo sugerem a existência de interação genótipo × época de nascimento para as características PD, P12, GDA e CPG no rebanho Canchim

avaliado, o que diverge do observado por Alencar (1985), que, trabalhando com o mesmo rebanho e utilizando outras metodologias, não verificou interação genótipo × época de nascimento para os pesos ao nascimento e à desmama, mas observou, no entanto mudança na classificação dos touros dentro de cada época de nascimento quando ordenados por seus valores genéticos. Em outro trabalho utilizando o mesmo conjunto de dados deste estudo, porém com o método da máxima verossimilhança restrita (REML), Alencar et al. (2005) também obtiveram evidências de interação genótipo × época de nascimento para as mesmas características deste estudo e estimaram, dependendo da característica, correlações genéticas de 0,87 a 0,97 entre as duas épocas de nascimento, observando mudanças nos componentes de variância aditivo direto e residual de um semestre para o outro e efeito aleatório significativo touro - época de nascimento. Na raça Nelore, outros autores também verificaram evidências de G x A. Assim, Nobre et al. (1988), utilizando o método de quadrados mínimos, também observaram interação significativa touro × época de nascimento para pesos até um ano de idade. Eler et al. (2000), pelo método REML, verificaram efeito significativo da interação touro × rebanho para os pesos ao nascimento e à desmama e para o ganho de peso pós-desmama. Ferreira et al. (2001), também pelo método REML, observaram correlações genéticas altas entre fazendas (0,95 e 0,96) para peso até a desmama e baixas correlações (0,53) para peso ao sobreano, sugerindo a existência de G x A para esta última característica. Souza et al. (2003) estudaram, pelo método REML, o peso à desmama de animais nascidos em oito regiões do Brasil e verificaram correlações genéticas baixas entre regiões, observando mudanças na estimativa de herdabilidade da característica (0,17 a 0,38) de acordo com a região. Toral et al. (2004) analisaram os pesos do nascimento aos 18 meses de idade de animais de três microrregiões do estado de Mato Grosso do Sul e verificaram, pelo método REML, que os componentes de variância aditivos diretos e residuais e as estimativas de herdabilidade foram diferentes entre as regiões. Simonelli et al. (2004) estimaram componentes de variância para os pesos à desmama, ao ano e ao sobreano de bovinos criados em cinco regiões do estado de Mato Grosso do Sul, utilizando inferência bayesiana, e observaram heterogeneidade de variâncias genéticas e ambientais para algumas regiões.

## Conclusões

A análise das distribuições posteriores obtidas via amostrador de Gibbs, que considera as informações

*a priori* dos dados para as estimativas dos componentes de (co)variâncias genéticas aditivas e residuais e para suas funções nas duas épocas de nascimento, evidenciou a existência de interação genótipo  $\times$  época de nascimento para os pesos à desmama (PD), o ganho de peso diário da desmama aos 12 meses de idade (GDA) e o desempenho estimado em um índice de componentes principais (CPG) envolvendo PD, P12 e GDA no rebanho Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste.

### Literatura Citada

- ALENCAR, M.M. Estudo da interação touro  $\times$  época de nascimento em um rebanho Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.14, n.2, p.224-234, 1985.
- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo  $\times$  ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- CAMERON, N.D. Methodologies for estimation of genotype with environment interaction. **Livestock production Science**, v.35, p.237-249, 1993.
- CAMERON, N.D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. Edinburgh: CAB International, 1997. 202p.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L. et al. Influência da interação touro  $\times$  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.
- EUCLIDES FILHO, K.; NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N. Idade da vaca e suas inter-relações com a fazenda, reprodutor e sexo do bezerro. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.20, n.1, p.40-46, 1991.
- FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. et al. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392, 2001.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontário: University of Guelph, 1984. 462p.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.
- NOBRE, P.R.C.; EUCLIDES FILHO, K.; ROSA, A.N. Repetibilidade e herdabilidade do peso ao nascer do gado Nelore por estação de nascimento. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.4, p.352-363, 1987.
- NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interações reprodutor  $\times$  estação de nascimento e reprodutor  $\times$  fazenda sobre características de crescimento de bezerras Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.17, n.2, p.120-131, 1988.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.
- SIMONELLI, S.M.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. et al. Heterogeneidade de variâncias para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. (CD-ROM).
- SOUZA, J.C.; GADINI, C.H.; SILVA, L.O.C. et al. Estimates of genetic parameters and evaluation of genotype  $\times$  environment interaction for weaning weight in Nelore cattle. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.11, n.2, p.94-100, 2003.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM - SAS. **User's guide**: Stat. Version 6, 4.ed. Cary: 1996. v.2, 842p.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. et al. Interação genótipo  $\times$  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 TASSEL, C.P.; van VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM**. A set of fortran programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation. (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agriculture Research Service, 1995. 86p.

Recebido: 17/12/03

Aprovado: 11/08/06