UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
***CAMPUS* DE ITAPETINGA**

Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação

DIEGO PAGUNG AMBROSINI

ITAPETINGA-BAHIA
2012

Diego Pagung Ambrosini

Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB / *Campus* de Itapetinga – BA, para obtenção do título de Mestre em Zootecnia – Área de Concentração em Produção de Ruminantes.

Professor Orientador: D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro
Professor Co-Orientador: D.Sc. Carlos H. M. Malhado
Professor Co-Orientador: D.Sc. José Braccini Neto

ITAPETINGA-BA
2012

Ambrosini, Diego Pagung.

A531 Interação genótipos em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação/Diego Pagung Ambrosini.- Jequié, 2012.

86 f: il.; 30cm. (Anexos)

Dissertação (Mestrado em Zootecnia – Área de Concentração de Ruminantes) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2012. Orientador Profº. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Bovinos da raça Nelore Mocha da Região Nordeste do Brasil – Interação genótipos ambientais 2. Bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil – Comparação da classificação dos reprodutores no gradiente ambiental 3. Nelore Mocha – Alteração na classificação 4. Nelore Mocha – Inferência Bayesiana 5. Nelore Mocha – Valor genético I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia II. Título

CDD – 636.082

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA - PPZ
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-*BA*

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Titulo: "*Interação Genótipo Ambiente em Bovinos da Raça Nelore Mocha da Região Nordeste do Brasil Obtido por Normas de Reação Via Regressão Aleatória*".

Autor (a): Diego Pagung Ambrisini
Orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB
Orientador

Carlos M. Malhado

Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB

José Braccini Neto

Prof. Dr. José Braccini Neto – UFRGS

Data de realização: 24 de fevereiro de 2012.

"Pegue seu ‘sorriso’ E presenteie a quem nunca teve um.

Descubra uma ‘fonte’ E banhe quem vive na lama.

Use sua ‘valentia’ Para dar força e ânimo a quem não sabe lutar.

Tenha ‘esperança’ E viva em sua luz. Descubra o ‘amor’.

E passe a conhecer o mundo. Pegue um ‘raio de sol’

E faça-o brilhar onde reina a escuridão. Pegue uma ‘lágrima’

E ponha-a no rosto de quem nunca chorou.

Descubra a ‘vida’ E ensine-a a quem não sabe entendê-la.

Pegue sua ‘bondade’ E dê-a a quem não sabe dar!"

Mahatma Gandhi

As almas de todos os homens são imortais, mas as almas dos justos são imortais e divinas.

Sócrates

Estranha criatura o homem; não pede para nascer, não sabe viver e não quer morrer.

Albert Einstein

OFEREÇO

Ao amor da minha vida e minha esposa, Ariele, pela cumplicidade, compreensão e apoio nos momentos difíceis, triste a alegres, fazendo com que esta minha jornada, entre Linhares-ES, Itapetinga-BA e Jequié-BA, se tornasse menos difícil, não me deixando desanimar nunca diante dos obstáculos. Enfrentamos juntos e conseguimos superar as dificuldades. Esta Vitória hoje alcançada é nossa!!! TE AMO!!!

DEDICO

Aos meus amados e queridos pais, Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini, pelo amor, carinho, confiança e por acreditarem no meu potencial. Sempre incentivando e apoiando meus estudos. Sempre estiveram ao meu lado. Com certeza tudo, tudo o que eu sou e tenho hoje é graças a vocês!!!

Aos meus queridos irmãos, Eduardo e Priscila pela grande amizade e confiança que sempre tiveram em mim.

Não poderia esquecer dos meus sobrinhos hiperativos e maravilhosos, que amo muito. Eduardo Nickolas e Rafael, vocês também fazem parte desta história.

AMO VOCÊS!!!

AGRADECIMENTOS

A Deus, por eu ter conseguido concretizar mais uma etapa da minha jornada terrena;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste curso, não podendo deixar de agradecer também ao Programa de Pós-Graduação Genética, Biodiversidade e Conservação pelo apoio;

Ao orientador, professor Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro e co-orientador professor Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, pelos grandes e preciosos ensinamentos, paciência, dedicação e, acima de tudo, pela grande amizade. Principalmente, por terem acreditado nesta vitória. A eles, a minha sincera e eterna gratidão;

Ao professor, Dr. José Braccini Neto (co-orientador), pelos ensinamentos e apoio durante este mestrado, principalmente pela ajuda com minhas análises;

Ao professor, Dr. Fernando Flores Cardoso, pelo auxílio com minhas análises, seu ensinamento será levado para o Doutorado, sempre serei muito grato;

Ao coordenador e professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela contribuição ao meu aprendizado, que serviu para elevar o meu grau de conhecimento. E às secretárias, Jamille e Joandra, por toda paciência em nos atender;

Aos professores da minha graduação na Universidade Federal do Espírito Santo, em especial as Professoras Maria Izabel Vieira de Almeida e Zélia Teresinha Gai e aos Professores José Geraldo de Vargas Junior, Gercílio Alves de Almeida Junior e Deolindo Stradiotti Junior, pela amizade, aprendizado e preparação para o mestrado;

Aos amigos do curso de Engenharia Ambiental, e do curso de Zootecnia do Campus de Itapetinga pelo companheirismo e amizade;

Aos meus avós, Jaci e Artur, pelo amor e incentivo, e a todos os meus Tios e primos sempre torcendo pelo meu sucesso;

A todos os meus colegas da Pós-graduação da UESB, Ana Carla Borges Barbosa, Emanoela Aragão Souza Lisboa Conde, Aracele Prates de Oliveira, Rosimira dos Santos Amaral, Laaina de Andrade Souza, Lorena Mirelle Santos Muniz, Éderson Silva Silveira e Milton Rezende Teixeira Neto, pela convivência harmoniosa e pelos momentos de descontração. Esta turma será sempre lembrada!!!

Obrigado a todos pela força, pelo carinho e pela eterna AMIZADE!!!

Aos meus pais, Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini. Ao meu brother Eduardo e minha sister Priscila.

À minha esposa, minha mariolinha, razão do meu viver. Ariele, TE AMO!!!!!

A todas as pessoas que, direta ou indiretamente, colaboraram para a realização desta dissertação, pois sozinho é impossível concluir um trabalho como este.

A todos vocês, meu muito obrigado, de todo coração!

BIOGRAFIA

Diego Pagung Ambrosini, filho de Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini, nasceu em 02 de março de 1983, Linhares, Espírito Santo.

Em agosto de 2005, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal do Espírito Santo - UFES, finalizando o mesmo em 2009.

Em março de 2010, iniciou o curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Concentração em Produção de Ruminantes, se dedicando a área de Genética e Melhoramento Animal.

Em 24 de fevereiro de 2012, defendeu a presente Dissertação.

RESUMO

AMBROSINI, Diego Pagung. **Interação genótipo ambiente em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil via normas de reação.** Itapetinga-Ba: UESB, 2012. 79p. Dissertação (Mestrado) – Programa Pós-Graduação em Zootecnia, Área de concentração em Produção de Ruminantes.**

O objetivo do presente estudo foi caracterizar a presença da interação genótipos ambientes (IGA) em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil, e comparar a classificação dos reprodutores no gradiente ambiental. O trabalho foi desenvolvido utilizando-se dados cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). De um total de 35.221registros, 26.249 tinham registros válidos para o peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), 16.681 para o peso ajustado aos 365 dias (P365) e 12.847 para o peso ajustado aos 550 dias (P550). Para cada característica foram utilizados cinco modelos de análise: modelo animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação com variância residual homogênea (homoscedástico) com dois passos ($MHNRHO_{2p}$) e com um passo ($MHNRHO_{1p}$), modelo hierárquico normas de reação com variância residual heterogênea (heteroscedástico) com dois passos ($MHNRHE_{2p}$) e com um passo ($MHNRHE_{1p}$). Nos modelos hierárquicos o valor genético do animal foi obtido por uma função do valor ambiental médio, ou seja, para cada nível ambiental existe um valor genético específico de cada animal. Para estimação dos parâmetros genéticos utilizou-se uma abordagem bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via cadeias de Markov. Com base em critérios bayesianos de escolha de modelos, para todas as características estudas o $MHNRHO_{1P}$ proporcionou ajuste superior aos dados, sendo o modelo mais apropriado para considerar a interação genótipos ambientes na Região Nordeste do Brasil. Para todas as características, as estimativas da variância residual, genética aditiva direta, materna (apenas para o P205) e herdabilidade foram crescentes no gradiente ambiental, conforme a melhoria do ambiente. Esses resultados permitiram concluir que há efeito em escala bem como de interação genótipos ambientes. A correlação de Spearman entre as classificações dos reprodutores demonstrou de baixa à moderada alteração na classificação. Estes resultados demonstram a necessidade de considerar a interação genótipos ambientes no processo seletivo, principalmente nos níveis de baixo desempenho dos indivíduos, onde houve a maioria das inversões na classificação, mas ocorrendo ao longo de todo o gradiente ambiental, portanto, os reprodutores de maior valor genético médio foram os que mais responderam as modificações ambientais. No processo seletivo desta população Nelore Mocha deverá ser considerada a interação genótipos ambientes para maximizar o ganho genético e consequentemente à produtividade futura dos rebanhos.

Palavra chave: alteração na classificação, inferência Bayesiana, valor genético

---

** Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, *D.Sc.*, UESB e Co-orientadores: Carlos Henrique Mendes Malhado, *D.Sc.*, UESB e Jose Braccini Neto, *D.Sc.*, UFRGS.

ABSTRACT

AMBROSINI, Diego Pagung. **Genotype environment interaction Polled Nelore breeds in Northeastern Brazil using reaction norms**. Itapetinga-Ba: UESB, 2012. 79p. (Master's dissertation in Zootechny - Majoring area - Ruminant Production).**

The aim of this study was to characterize the presence of genotype environment interaction (GEI) in Polled Nelore breeds in northeastern Brazil, and compare the classification of sires in the environmental gradient. This study was developed using data provided by the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ). Of a total of 35.221registros, 26,249 had valid records for adjusted weight at 205 days of age (P205), 16,681 for adjusted weight at 365 days (P365) and 12,847 for weight adjusted to 550 days (P550). For each trait, five models were used for analysis: standard animal model (AM), hierarchical model of reaction norms with homogeneous residual variance (homoscedastic) with two steps ($RNHM_{2S}Hm$) and a step ($HNRN_{1S}Hm$), hierarchical model of reaction norms with variance heterogeneous residual (heteroscedastic) with two steps ($HNRN_{2S}Ht$) and a step ($HNRN_{1S}Ht$). In hierarchical models the breeding value of the animal was obtained by a function of the average environmental value, in other words, for each level there is an environment specific genetic value of each animal. To estimate the parameters we used a Bayesian approach, Monte Carlo methods based in Markov chains. Based on criteria for Bayesian model choice for all the studied traits $HNRN_{1S}Hm$ provided superior fit to the data, the model is more appropriate to consider the interaction genotype environment in northeastern Brazil. For all characteristics, the estimates of residual variance, direct additive genetic, maternal genetic (only for P205) and heritability were increasing the environmental gradient according improving the environment. These results allow to conclude that there is effect of scale and genotype environment interaction. The Spearman correlation between the classifications of sires showed moderate to high change in the classification. These results demonstrate the need to consider genotype environment interaction in the selection process, especially in low performance levels of individuals, where there was most inversions in classification but occurring across the environmental gradient, therefore, sires higher average breeding value were the most responded to environmental changes. In the selection process of this population Polled Nellore should be considered genotype environment interaction to maximize the genetic gain and consequently the future productivity of the herds.

Keywork: Bayesian inference, breeding value, change in classification

---

** Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, *D.Sc.*, UESB and Coadvisers: Carlos Henrique Mendes Malhado,*D.Sc.*, UESB and Jose Braccini Neto, *D.Sc.*, UFRGS.

LISTA DE FIGURAS

CAPITULO 1

Figura 1 - Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises..... 32

Figura 2 - Média, desvio padrão e gráficos de traços dos componentes de (co)variâncias versus ciclos de Cadeia de Markov para variância de Grupo de Contemporâneo (A); variância do Nível da Norma de Reação, Direta (B) e Materna (E); correlação entre Nível e Intercepto da Norma de Reação, Direta (C) e Materna (F); variância do Intercepto da Norma de Reação, Direta (D) e Materna (G); variância do Efeito de Ambiente Permanente Materno (H) e variância do Erro Residual (I). 37

Figura 3 - Herdabilidades da característica P205 para os efeitos direto (A) e materno (B) nos modelos propostos pelo gradiente ambiental. 38

Figura 4 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto (A) e materno (B) obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos. 40

Figura 5 - Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) e o gradiente ambiental..... 42

CAPITULO 2

Figura 1 - Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises..... 51

Figura 2 - Herdabilidades da característica P365 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental. 55

Figura 3 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos. 57

Figura 4 - Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental..... 58

CAPITULO 3

Figura 1 - Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises..... 68

Figura 2 - Herdabilidades da característica P550 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental. 72

Figura 3 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P550 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos. 73

Figura 4 - Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental..... 75

LISTA DE TABELAS

CAPITULO 1

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos. 35

Tabela 2 - Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO). 36

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais. 40

CAPITULO 2

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos. 54

Tabela 2 - Critério da *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da *deviance* (DIC) e a *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO). 55

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais. 57

CAPITULO 3

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos. 71

Tabela 2 - Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO). 72

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais. 74

LISTA DE SIGLAS, SÍMBOLOS E ABREVIATURAS

ABCZ – Associação Brasileira de Criadores de Zebu
BF – Deviance baseada nos Fatores de Bayes
CPO – Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional
DIC – Critério de Informação da Deviance
FC – Função de covariância
GC – Grupos de contemporâneos
IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IDV – Idade da vaca
IDV2 – Idade da vaca ao quadrado
IGA – Interação genótipos ambientes
MA – Modelo animal
MCMC – Métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov
$MHNRHE_{1P}$ – Modelo Hierárquico Normas de Reação Heteroscedástico Um Passo
$MHNRHE_{2P}$ – Modelo Hierárquico Normas de Reação Heteroscedástico Dois Passos
$MHNRHO_{1P}$ – Modelo Hierárquico Normas de Reação Homoscedástico Um Passo
$MHNRHO_{2P}$ – Modelo Hierárquico Normas de Reação Homoscedástico Dois Passos
MNR – Modelo de norma de reação
MRA – Modelo de regressão aleatória
NR – Norma de reação
SA – Sensibilidade ambiental
SAS – Statistical Analysis System
VC – Componentes de variâncias
$\sigma_A^2|X$ – Variância genética aditiva direta no ambiente X
σ_A^2 – Variância genética aditiva direta
$h^2|X$ – Herdabilidade no ambiente X
h^2 – Herdabilidade
$h_a^2|X$ – Herdabilidade genética aditiva direta no ambiente X
h_a^2 – Herdabilidade genética aditiva direta
$h_m^2|X$ – Herdabilidade genética materna no ambiente X
h_m^2 – Herdabilidade genética materna
$\sigma_e^2|X$ – Variância residual no ambiente X
σ_e^2 – Variância residual
$\sigma_m^2|X$ – Variância genética materna no ambiente X
σ_m^2 – Variância genética materna
σ_{pe}^2 – Variância do efeito de ambiente permanente materno
$\sigma_{a,b}$ – Covariância entre efeitos genéticos de intercepto e de inclinação
σ_b^2 – Variância da inclinação da norma de reação
η = variância do parâmetro de heterogeneidade no ambiental X

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO 14
2. REVISÃO DE LITERATURA 15
2.1 Homogeneidade e heterogeneidade de variâncias 15
2.2 Interação Genótipo Ambiente (IGA) 16
2.3 Metodologias para o estudo da Interação Genótipos Ambientes 18
2.4 Modelos de Normas de reação 19
2.5 Caracterização do Ambiente 21
3. OBJETIVOS PROPOSTOS 22
4. REFERÊNCIAS 23

CAPÍTULO 1

NORMAS DE REAÇÃO SOBRE O EFEITO DIRETO E MATERNO DO PESO AOS 205 DIAS DE IDADE EM BOVINOS DA RAÇA NELORE MOCHA NO NORDESTE DO BRASIL

RESUMO 28
ABSTRACT 29
1. INTRODUÇÃO 30
2. MATERIAL E MÉTODOS 31
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 35
4. CONCLUSÕES 43
5. REFERÊNCIAS 44

CAPITULO 2

INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES VIA NORMA DE REAÇÃO PARA O PESO AOS 365 DIAS DE IDADE NA RAÇA NELORE MOCHA DA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL

RESUMO 28
ABSTRACT 48
1. INTRODUÇÃO 49
2. MATERIAL E MÉTODOS 50
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 54
4. CONCLUSÕES 60
5. REFERÊNCIAS 61

CAPITULO 3

INFERÊNCIA BAYESIANA UTILIZADA NA ESTIMAÇÃO DAS NORMAS DE REAÇÃO DO PESO AOS 550 DIAS DE IDADE NA RAÇA NELORE MOCHA NO NORDESTE DO BRASIL

RESUMO **64**
ABSTRACT **65**
1. INTRODUÇÃO **66**
2. MATERIAL E MÉTODOS **67**
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO **71**
4. CONCLUSÕES **76**
5. REFERÊNCIAS **77**

1. INTRODUÇÃO

O Brasil vem se destacando na bovinocultura de corte, inclusive no cenário internacional. Atualmente, possui 205 milhões de animais criados em 172 milhões de hectares distribuídos por todo território nacional. É o maior rebanho comercial do mundo, perdendo apenas para a Índia em número de animais (IBGE, 2010), sendo responsável por, aproximadamente, 17% da produção mundial, o que corresponde a 7,6% do total de exportações do agronegócio brasileiro. Porém, os sistemas produtivos predominantes no Brasil ainda são de baixa eficiência quando comparados a outros países.

Em se tratando de carne bovina os zebuínos predominam, entretanto, outras raças e seus cruzamentos são explorados e/ou avaliados visando seu uso comercial. Neste contexto, alguns pontos devem ser considerados para que a produção atinja seu máximo, assim deve existir um equilíbrio entre a nutrição, sanidade, reprodução, manejo, ambiente e melhoramento genético. Caso alguns desses pontos não sejam considerados, a produção não alcançará o nível ótimo, podendo ocasionar perdas.

A diversidade de climas e manejo no Brasil resulta em grande variação na produção dos rebanhos. Isto é acentuado na região Nordeste onde se localiza a maior parte do semiárido brasileiro, que ocupa cerca de 8% do território nacional (900.000 km²). Isto afeta a exploração bovina já que a diversidade de sistemas de exploração está, em grande parte, ligada a diferenças de fatores climáticos, econômicos, históricos e à disponibilidade de recursos naturais que influenciam a produção animal.

A interação genótipos versus ambientes (IGA) tem sido desconsiderada no cálculo dos valores genéticos individuais na maioria dos programas de avaliação genética animal, sendo que no Brasil, não existe programa de avaliação genética que considere tal interação na obtenção dos valores genéticos. Entretanto, muitos grupos de pesquisa têm se dedicado, recentemente, a este tema no melhoramento animal e novas metodologias de análise têm surgido. Neste sentido, funções de covariância, obtidas através de modelos de regressão aleatória (KIRKPATRICK et al., 1990; GOMULKIEWICZ et al., 1992), possibilitam estudar a norma de reação dos genótipos a variações gradativas no ambiente de produção e, desta forma, identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental.

A IGA pode prejudicar o progresso genético das populações de bovinos de corte pelo uso inadequado de reprodutores, sendo de fundamental importância sua consideração nas avaliações genéticas. Determinados genótipos podem vir a apresentar baixo desempenho, se utilizado em ambiente muito diferente ao que foram selecionados. Deve-se priorizar a utilização de material genético de animais que sejam verdadeiramente “superiores” nas condições específicas de criação e, considerando que o ambiente de criação nos principais países

fornecedores de indivíduos de mérito genético de bovinos é bastante diferente das condições de pastejo extensivo predominantes no Nordeste do Brasil, o objetivo do presente estudo foi avaliar a presença da IGA na população de animal da raça Nelore Mocha, através de regressão aleatória (normas de reação), bem como avaliar qual modelo proposto melhor ajusta aos dados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Homogeneidade e heterogeneidade de variâncias

Para avaliação de bovinos utiliza-se a metodologia que geram preditores com propriedades conhecidas por BLUP (melhor preditor linear não-viesado), que pressupõe homogeneidade de variâncias entre os efeitos fixos no modelo estatístico. Entretanto, diversos autores (BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990; REVERTER et al., 1997; TORRES, 1998) relatam a existência da heterogeneidade de variância genética e residual entre rebanhos, grupo de contemporâneos ou outras classificações dos efeitos ambientais (CAVALHEIRO et al., 2002). Quando ignorada, a heterogeneidade de variância genética e/ou residual pode ocasionar a redução da acurácia dos valores genéticos preditos e consequentemente, a redução da resposta à seleção (GARRICK e VAN VLECK, 1987). Portanto, ao considerar as variâncias heterogêneas, pode melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise.

Se a associação positiva entre as médias de produção dos rebanhos com as variâncias fenotípicas for ignorada poderão ocorrer distorção na proporção de animais selecionados (COSTA et al., 2004), dificuldade na seleção dos animais provenientes de diferentes rebanhos (COSTA et al., 2004; CARNEIRO JUNIOR et al., 2007), erros nas estimativas dos valores genéticos e na classificação dos animais (COSTA et al., 2004), diminuição da acurácia das avaliações genéticas dos animais candidatos à seleção e dos parâmetros genéticos (CARNEIRO JUNIOR et al., 2007), diminuição no ganho genético anual e perdas econômicas (COSTA et al., 2004 e CARNEIRO JUNIOR et al., 2007).

No Brasil, em razão da grande diversidade de ambientes de produção de bovinos de corte, que abrange desde áreas frias e úmidas praticamente o ano todo, até áreas secas e quentes que recebem chuvas apenas durante poucas épocas do ano (MATTAR, 2009), é de grande importância investigar a presença de quais componentes de variância influenciam nos parâmetros que compõe desempenho de animais, visando incluir esta variação nos modelos estatísticos e consequentemente nas avaliações genéticas, contribuindo para o aumento da acurácia de predição e melhorando a eficiência dos programas de seleção.

A modelagem considerando as variâncias residuais heterogêneas para cada classe pode melhorar a partição da variação total, mas proporciona um aumento no número de parâmetros a serem estimados. O número elevado de parâmetros dos modelos, a estrutura de covariâncias e o fato das matrizes de incidência serem mais densas que para os modelos convencionais podem dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, sendo entraves para a utilização da metodologia de normas de reação para avaliações genéticas em conjuntos com grande volume de dados (CORRÊA, 2007).

DIAS et al., (2004) compararam diferentes modelagens para a variância residual utilizando dados de peso de animais da raça Tabapuã, buscando aliar adequação e parcimônia do modelo. Os autores concluíram por meio deste estudo que é necessário considerar a heterogeneidade de variâncias residuais para estudo das características de crescimento.

Comparando modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos da raça Santa Inês, SARMENTO et al., (2004) também concluíram que a utilização de variâncias residuais heterogêneas é necessária para modelar as variâncias nos dados adequadamente.

2.2 Interação Genótipo Ambiente (IGA)

Segundo SCHLICHTING e PIGLIUCCI (1998) norma de reação (NR) é o conjunto completo de trajetórias ontogênicas multivariadas que podem ser produzidos por um único genótipo exposto a todos os ambientes biologicamente relevantes. Os mesmos autores consideram a NR um modelo ideal para expressar e entender as interconexões entre as várias abordagens da evolução fenotípica, estudando os caminhos envolvidos na transição epigenética do genótipo para o fenótipo. Por sua vez, a epigenética pode ser definida como o estudo das modificações do DNA e das histonas que são herdáveis e não alteram a sequência de bases do DNA. Entre as modificações que as histonas podem sofrer, a metilação é a única que pode afetar moléculas de DNA. O epigenoma, então, é dinâmico e varia de célula para célula dentro de um mesmo organismo multicelular. Ou seja, mudanças no genoma podem ser transmitidas para a próxima geração, ativando, desativando ou modificando a expressão de determinado gene ou característica. Deste modo, o genótipo não determina um fenótipo, mas ele determina uma gama de fenótipos possíveis, uma norma de reação. A norma de reação que é todo o repertório de vias alternativas de desenvolvimento e metabolismo que podem ocorrer nos portadores de um dado genótipo em todos os ambientes possíveis, favoráveis e desfavoráveis, naturais ou artificiais.

O entendimento tanto da genética como do ambiente são essenciais para o melhoramento genético, bem como sua interação (IGA) no estudo de características de interesse

econômico. Estudos acerca deste tipo de interação iniciaram a partir do século XX, e estavam relacionados ao ambiente no qual a seleção deveria ser praticada.

O ambiente não pode modificar a constituição genética de um determinado indivíduo, mas sim a extensão com a qual o genótipo será expresso, por isso existe a possibilidade de que o melhor genótipo em um determinado ambiente não o seja em outro (WARWICK e LEGATES, 1980). Assim, a presença da IGA caracteriza-se pela resposta diferenciada de genótipos às variações ambientais (FALCONER e MACKAY, 1996). Estes mesmos autores afirmam que uma mesma característica em ambientes diferentes não pode ser considerada como uma mesma característica, pois um mesmo genótipo pode produzir diferentes fenótipos em diferentes condições ambientais, e genótipos diferentes podem produzir fenótipos semelhantes dependendo dos ambientes.

A IGA também pode causar alteração na classificação de desempenho dos animais nos diferentes ambientes, causar mudanças na magnitude absoluta ou relativa das variâncias genéticas, de ambiente e fenotípicas (ALENCAR et al., 2005; CORRÊA et al., 2009), implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente de produção (HENDERSON, 1984).

Devido ao advento da globalização no melhoramento genético, a IGA torna-se cada vez mais importante (KOLMODIN e BIJMA, 2004), visto que a disseminação de material genético por todo o mundo é feita de forma mais eficiente, graças aos avanços científicos na área da reprodução, como a inseminação artificial e transferência de embriões. Porém, a dificuldade é conseguir estimar o desempenho dos progenitores em ambientes onde seus filhos não foram testados. Neste contexto, ressalta-se o Brasil, pois apresenta grande extensão territorial, e com o crescimento do mercado de sêmen, os produtores podem comprar e utilizar sêmen de animais avaliados em diferentes ambientes, inclusive do exterior. Isto pode levar a dificuldades, pois suas progênies serão criadas em ambientes muito diferentes daqueles em que seus filhos foram criados para gerar as avaliações genéticas. No Brasil há uma grande diversidade de climas, solos, topografias e sistemas de produção, que ocorrem dentro de regiões, estados até mesmo cidades, sendo, portanto, cenário ideal para influência significativa da IGA sobre a produção animal. Estudos em bovinos de corte (TORAL et al., 2004; ALENCAR et al., 2005; TEIXEIRA et al., 2006; VALENTE, 2007; FRIDRICH, 2005; PÉGOLO et al., 2009) e de leite (FALCÃO et al., 2006; PAULA et al., 2009) têm comprovado este fato. Apesar da importância da IGA, a incorporação deste novo componente de variação nas avaliações genéticas não é uma realidade pelo menos no melhoramento de bovinos de corte no Brasil (RIBEIRO et al., 2006). Segundo REIS e LÔBO (1991), a existência teórica de IGA é mais que clara, mas com pouca importância tem sido dada a ela nas avaliações genéticas. Parece existir algum tipo de incerteza por parte das empresas que criam os sumários de touros em incluir este efeito em suas avaliações.

2.3 Metodologias para o estudo da Interação Genótipos Ambientes

No melhoramento genético de plantas o número de métodos de avaliação da IGA é muito grande. Já no melhoramento animal as formas de estudo ainda são poucas. As principais formas de estudo têm sido as correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores em diferentes ambientes; o cálculo da correlação genética para uma mesma característica medida em ambientes diferentes; a utilização das normas de reação via regressão aleatória, e; o estudo dos componentes principais de três modos.

A metodologia que estima os valores dos coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman, em estudos de IGA, como dos autores ALENCAR et al., (2005) e TORAL et al., (2004), que indica, respectivamente, a influência dos ambientes sobre as estimativas dos valores genéticos dos animais e as mudanças nas classificações dos animais com base nessas estimativas nos diferentes ambientes. Estes estimadores são bastante utilizados nos estudos de IGA, como o apresentado por CARVALHO, (2007) que encontrou alto coeficiente de correlação de postos de Spearman para peso a desmama de bovinos Canchim entre as regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, indicando que os melhores touros classificados em uma região também tiveram posição semelhante em outra região.

Quando se utiliza o modelo multicaracterístico, considera-se a expressão em dois ou mais ambientes como características diferentes (STRANDBERG, 2006). Os mecanismos fisiológicos que definem o alto desempenho de uma característica em dado ambiente podem ser diferentes entre si, e o mesmo ocorre com o conjunto de genes que determinam este desempenho. Robertson, em 1959, sugeriu que quando o valor da correlação genética da mesma característica em diferentes ambientes for menor que 0,8, a IGA passaria a assumir um papel de destaque na expressão da característica. Correlação genética igual a 1,00 significa que não há IGA, ou seja, os mesmos genes estão agindo na expressão da característica em dois ou mais ambientes. Quando as correlações genéticas estão altas, entre 0,8 e 1, sugerem que os genótipos nos dois ambientes são parcialmente idênticos (FALCONER, 1989; MEYER, 1995; HOURI NETO, 1996, FRIDRICH, 2003), porém, se esta correlação for extremamente baixa, pressupõe que a expressão fenotípica será diferente. Assim, consideram-se características distintas e determinadas por conjuntos de genes diferentes.

Outra metodologia para a avaliação da IGA que vem se destacando no meio científico é a que utiliza inferência Bayesiana (SIMONELLI, 2004; FALCÃO et al., 2006), e outros fazem uso de modelos de regressão aleatória e normas de reação ao ambiente (CALUS e VEERKAMP, 2003; KOLMODIN e BIJMA, 2004; CALUS et al.,2006; CARDOSO et al., 2005; CARDOSO et al., 2008).

FRANCO, (2011) abordou outra forma de avaliar a IGA, que é via componentes principais de três modos (*three way analyse*), que explica os resíduos da interação tripla

associados a um modelo linear com três fontes de variação, e possibilita estudar padrões de desempenho de genótipos por ambientes e fazer predições a respeito do desempenho médio de genótipos a ambientes específicos por meio de representação gráfica, nos chamados biplots. Ainda de acordo com este autor, foi constatado a presença da IGA em bovinos nelore no Nordeste, ressaltando o regime alimentar, como efeito mais importante, destacando a necessidade de direcionar os reprodutores de acordo com o regime alimentar.

Atualmente, estudos da IGA utilizando modelos de norma de reação vêm ganhando destaque. O método permite descrever o fenótipo expresso por um genótipo em um gradiente ambiental, sendo útil quando os fenótipos variam gradualmente e continuamente sob os diferentes ambientes (DE JONG, 1995).

2.4 Modelos de Normas de reação

Dentre as formas de se avaliar a IGA, os modelos de norma de reação (MNR) têm se destacado em todo o mundo, sendo encontrados trabalhos com várias espécies de interesse zootécnico, podendo ser citados KOLMODIN (2003), FIKSE et al., (2003), CALUS e VEERKAMP (2003), KOLMODIN e BIJMA (2004), CALUS et al., (2006), SHARIATI (2007), BOHMANOVA et al., (2008) para bovinos de leite; MARICLE (2008), CARDOSO e OLIVEIRA (2008), PÉGOLO et al., (2009), MATTAR (2007), MATTAR, et al., (2009), CORRÊA (2009), FRANCO (2011) para bovinos de corte; POLLOTT e GREEFF (2004) para ovinos; KNAP e SU (2008) para suínos; e SANTOS et al., (2008) para codornas de corte.

De acordo com DE JONG (1990), a norma de reação (NR) de um genótipo é a mudança sistemática na expressão média fenotípica que ocorre em resposta a uma mudança sistemática na variável ambiental. A NR descreve o fenótipo de um animal como uma função contínua do ambiente (WOLTERECK, 1909 e LYNCH e WALSH, 1998, citados por KOLMODIN, 2003) e expressa o fenótipo como uma função polinomial do valor ambiental, em que os coeficientes polinomiais são assumidos estar sob influência genética (DE JONG, 1995). Dessa forma, o modelo norma de reação (MNR) descreve características que mudam gradualmente e continuadamente sobre um gradiente ambiental, assim, pode ser utilizado para o estudo da interação genótipos ambientes.

Dentro da norma de reação existe uma metodologia bastante utilizada que é a regressão aleatória, pois permite traçar uma linha do genótipo do animal em cada ambiente em relação ao gradiente ambiental. Em análises de sensibilidade ao ambiente, o desempenho do genótipo é regredido em relação à média de desempenho populacional em cada ambiente (FALCONER e MACKAY, 1996). Esse método inclui informação de uma variável dependente no modelo explanatório, tem a vantagem de discriminar objetivamente os ambientes como mais ou menos favoráveis e foi usado com sucesso para identificar a IGA em bovinos de leite (KOLMODIN et

al., 2002). Esses autores usaram um procedimento em dois estágios, primeiro estimando o efeito ambiental médio de rebanho, assumindo um efeito genético médio para todos os ambientes e, em sequência, estimaram os efeitos genéticos e de IGA com base nas estimativas ambientais obtidas previamente no modelo animal.

Os ambientes não são apenas os locais onde os animais são criados, mas também podem ser temperatura, latitude, longitude, regime alimentar, ou seja, tudo que pode levar a variações no desempenho produtivo. Medidas mais complexas podem ser quantificadas por um desempenho médio de todos os genótipos em dado ambiente (KOLMODIN, 2003), tais como os apresentados por PÉGOLO (2005) e CARDOSO et al. (2005). Em bovinos, no entanto, este desempenho genotípico médio é geralmente desconhecido. Desta forma, faz-se uma aproximação deste valor considerando o desempenho fenotípico médio de cada ambiente, para, então, tratar estas estimativas como covariáveis conhecidas no modelo, tal qual reportado por KARAN et al. (1999), RAVAGNOLO e MISZTAL (2000) e KINGSOLVER et al., (2004), citados por SU et al., (2006). Por esta metodologia, o gradiente ambiental ou valor ambiental pode ser estimado por meio de um modelo animal padrão a partir dos desvios de grupo de contemporâneos, como atribuído por KOLMODIN et al (2002), CALUS e VEERKAMP (2003) e CARDOSO et al. (2005).

Dentro da faixa de ambientes normalmente encontrados, geralmente é razoável assumir que as normas de reação são lineares. Isto tem sido encontrado, por exemplo, para características de produção e funcionais de bovinos de leite em relação à média rebanho-ano da mesma característica (CALUS e VEERKAMP, 2003; KOLMODIN, 2003). Entretanto, um aumento linear no valor fenotípico não seria provável de ser encontrado, por questões biológicas, ao longo de uma faixa muito larga de ambientes. Extrapolações das normas de reação preditas fora da faixa ambiental dos dados devem, portanto, ser feitas com precaução (KOLMODIN, 2003).

Em um modelo de norma de reação com regressão aleatória linear, segundo VALENTE (2007), atribui-se a cada animal avaliado, dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e linear) que predizem o valor genético em função da qualidade do ambiente. Maiores valores de coeficientes de regressão linear significam maior sensibilidade à mudança ambiental.

Como a IGA pressupõe diferença de sensibilidade nos indivíduos avaliados, a magnitude do componente de variância atribuído ao coeficiente de regressão linear é a chave para avaliar a existência da interação. Altos valores pressupõem heterogeneidade de sensibilidades, ou seja, normas de reação com diferentes inclinações. Situações como esta apresentam modificações de variância genética ou até modificações na ordem de classificação nos diferentes pontos do intervalo de qualidade de ambientes considerados. Baixos valores pressupõem normas de reação quase paralelas em relação ao eixo *x* dos ambientes, sem

modificações de variância genética aditiva e de ordem de classificação em diferentes pontos do intervalo. Nesta situação, não há necessidade de se procurar os melhores genótipos em ambientes diferentes.

Além da variância dos coeficientes de regressão linear, a correlação entre os coeficientes (intercepto e linear) também afeta a forma da correlação genética entre ambientes. Dada uma mesma variação no coeficiente linear, uma alta correlação entre o intercepto e o coeficiente linear leva a menor reclassificação. Comparado com o ambiente médio, uma correlação positiva (negativa) promove mais reclassificação em piores (melhores) ambientes, enquanto a reclassificação é simétrica em torno da média para quando o intercepto e coeficiente linear são não correlacionados (STRANDBERG, 2006). Ainda de acordo com este autor, um aspecto é bastante claro em todos os modelos, há necessidade que haja observações do mesmo e/ou de indivíduos aparentados em pelo menos dois ambientes diferentes, para melhorar a acurácia das estimativas e a comparação entre os genótipos. Em alguns organismos (por exemplo, algumas plantas) é possível usar clones e colocá-los em diferentes ambientes. Em animais, apesar dos avanços na área da clonagem isso ainda é impraticável. Entretanto, a disseminação do uso de inseminação artificial, por exemplo, em bovinos de leite torna possível comparar o desempenho de filhos dos mesmos touros em diferentes ambientes.

2.5 Caracterização do Ambiente

Segundo SHARIATI (2007), gradientes ambientais são facilmente definidos em experimentos de laboratório com espécies como *Drosophila*, ou em experimentos de campo bem controlados com plantas. Em avaliações genéticas de animais domésticos, entretanto, os gradientes ambientais compreendem complexos e desconhecidos efeitos ambientais como rebanho ou efeitos de rebanho-ano, que englobam nível de manejo e sanidade, nutrição, clima, tempo, peculiares aos indivíduos de um grupo contemporâneo.

Quando o efeito do gradiente ambiental é desconhecido, a prática largamente utilizada na implementação de MNR é usar a média fenotípica de indivíduos em um dado ambiente em substituição ao efeito desconhecido (KOLMODIN, 2003; CALUS e VEERKAMP, 2003; PÉGOLO et al., 2009, dentre outros). Neste sentido, estudos com objetivo de avaliar o uso de diferentes descritores ambientais em análises de IGA usando MNR, foram realizados por (FIKSE et al., 2003; ZWALD et al., 2003 para bovinos de leite; PÉGOLO et al., 2009 para bovinos de corte e POLLOTT e GREEFF, 2004, para ovinos). Estes estudos revelaram que as NR de dada característica são diferentes quando se utiliza diferentes descritores ambientais.

Como a metodologia que utiliza a norma de reação para o estudo da IGA supõe que o ambiente seja classificado sobre qualquer escala e também que as características possuam continuidade fisiológica sobre o ambiente (DE JONG e BIJMA, 2002), ela permite distinguir a

capacidade dos genótipos em serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais. Esta suscetibilidade dos genótipos ao ambiente é denominada de sensibilidade ambiental (SA) ou plasticidade fenotípica (BRADSHAW, 1965; DE JONG e BIJMA, 2002). Segundo FALCONER (1990), a SA é definida como a extensão das modificações no fenótipo causada pelos distintos ambientes, e pode ter uma maior ou menor expressão, sendo os indivíduos de maior sensibilidade denominados genótipos plásticos e os de menor sensibilidade, genótipos robustos.

SIMONELLI et al., (2004) atentaram para a correta interpretação da sensibilidade ambiental, pois nas avaliações genéticas pode haver 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.

No Brasil, resultados recentes de estudos da sensibilidade ambiental de bovinos, por meio das normas de reação dos indivíduos nos ambientes, vêm sendo apresentados, tais como os de PÉGOLO (2005) para a raça Nelore, CARDOSO et al., (2005) e CARDOSO et al., (2007) para a raça Angus, CARDOSO et al., (2011) para a raça Hereford, CORRÊA (2007) para raça Devon, MATTAR et al., (2007, 2011) para as raças Caracu e Canchim respectivamente, entre outros. Estes estudos permitem identificar rebanhos que possuam variabilidade para sensibilidade ambiental e, por conseguinte, incluir estas variações adaptativas nas avaliações genéticas, com o objetivo de uniformizar desempenhos em ambientes distintos ou privilegiar genótipos que respondam às melhorias ambientais de determinada característica.

3. OBJETIVOS PROPOSTOS

Os objetivos do presente estudo foram:

- Caracterização da interação genótipos ambientes em bovinos Zebuínos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil via normas de reação;
- Avaliar qual o modelo de análise ajustou melhor o conjunto de dados: modelo animal, modelo hierárquico de normas de reação homoscedástico dois ou um passo ou modelo hierárquico de normas de reação heteroscedástico dois ou um passo; e,
- Avaliar a norma de reação ao gradiente ambiental para pesos em diferentes idades dos reprodutores melhores classificados da raça Nelore Mocha do Nordeste.

4. REFERÊNCIAS

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

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S;NORMAN H.D.; LAWLOR T.J. Genotype by environment interaction dueto heat stress. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.840-846, 2008.

BOLDMAN, K. G.; FREEMAN, A. E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, p. 503 – 512, 1990.

BRADSHAW, A. D. Evolutionary significance oh phenotypic platicity in plants. **Advances in Genetics**, v.13, p.115-155, 1965.

CALUS, M.P.L.; VEERKAMP, R.F. Estimation of environment sensitivity of genetic merit for milk production traits using random regression model. **Journal of Dairy Science**, v.86, n.6, p.3756-3764, 2003.

CALUS, M.P.L. Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle. Wagenigen; WU, 2006.181p.**Tese (PhD)** – Wagenigen University, 2006.

CARDOSO, F.F. OLIVEIRA, M.M., CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos Bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44, 2007, Jaboticabal. **Anais**... Jaboticabal: SBZ, 2007. CD-ROM.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais**... Goiânia: SBZ, 2005. CD-ROM.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos, SP. **Anais**... São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CARNEIRO, J. R.; ASSIS, J. M.L.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A,; LOPES. P.S. Estimação de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e frequentista em dado simulado sob heterogeneidade de variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 5, p. 1539-1548 207.

CARVALHO, F.M. Estudo de interação genótipo x ambiente para peso e perímetro escrotal à desmama na raça Canchim. 2007. 57 f. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Evolução) -

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2007.

CAVALHEIRO, R.; FRIES, L. A.; SCHENKEL, F. S.; ALBURQUERQUE, L. G. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupo de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte**. Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p. 1680 – 1688, 2002.

CORRÊA, M. B. B. Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória. Pelotas, 2007. 87p. **Tese** (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração: Melhoramento Animal, Doutor em Ciências) Universidade Federal de Pelotas.

CORRÊA, M. B. B; DIONELLO, N. J. L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

COSTA, C.N.; MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; LEDIC, I.L. Heterogeneidade de (Co) variância para as produções de leite e de gordura entre vacas puras e mestiças da raça Gir. Revista Brasileira de Zootecnia, v.33, n.3, p.555-563, 2004.

DE JONG, G. Quantitative genetics of reaction norms. **Journal of evolutionary biology**, v.3, p.447-468, 1990.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. American Naturalist, **University of Chicago**, USA, v. 145, n.4, p.493-512. 1995.

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production** Science, v.78, p.195–214, 2002.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. Modelagem do resíduo para características de crescimento de animais da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. In: 41º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, **Anais** eletrônicos – CDROM. Editora: Unipress Disc Records, 2004.

DONG, M. C.; MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra herd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, p. 843–851, 1990.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E. N,; COSTA, C. N.; SAKAGUTI, E. S.; MAZUCHELE, J. Heteroscedasticidade entre Estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa, usando métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.405-414, 2006.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**.4a ed. Longman Group, Essex, UK, 1996.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics.2nd ed. New York: **Longman Group Limited**, New York. 340 p, 1989.

FALCONER, D.S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. **Genetical Research**, v.56, p.57-70, 1990.

FIKSE, W.F.; REKAYA, R.; WEIGEL, K.A. Assessment of environment descriptors for studying genotype by environment interaction. **Livestock Production Science**, v.82, p.223-231, 2003.

FRANCO, I.L. Interação genótipo x local x regime alimentar em bovinos nelore na região nordeste por meio de componentes principais de três modos. 2011. 56 p. **Dissertação** (mestrado em zootecnia) Universidade do Sudoeste da Bahia, Itapeginga-BA.

FRIDRICH, A.B. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos da raça Tabapuã. 2003. 35 p. **Dissertação** (mestrado em zootecnia) - Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

FRIDRICH, A.B. SILVA, M.A.; FRIDRICH, D.; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, L.O.C.; SAKAGUTI, E.S.; FERREIRAI.C. E VALENTE, B.D. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** v.57, n.5, p.663-672, 2005.

GARRICK, D. J.; VAN VLECK, L. D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v.65, p. 409 – 421, 1987.

GOMULKIEWICZ, R.; KIRKPATRICK, M. Quantitative genetics and the evolution of reaction norms. Evolution, v.46, n.2, p.390-411, 1992.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontário: University of Guelf, 1984. p. 462.

HOURI NETO, M. Interação genótipo-ambiente e avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, usados no Brasil e nos Estados Unidos da América. 1996. 204f. **Tese** (Doutorado em Ciência Animal) - Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA [IBGE]. Indicadores – Produção Pecuária – Banco SIDRA. 2010. Disponível em: www.ibge.gov.br. Acesso em: 2 abr. 2011.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N.A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite dimensional characters. Journal of Mathematical Biology, v.27, p.429-450, 1990.

KNAP, P.W.; SU, G. Genotype by environment interaction for litter size in pigs as quantified by reaction norms analysis. **Animal**, v.2, n.12, p. 1742-1747, 2008.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia**, Section A, Animal Science, v.52, p.11–24, 2002.

KOLMODIN, R. Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding. Uppsala, Suécia, 35p. **Tese** (Doutorado em Animal Breeding and Genetics) - Swedish University of Agricultural Sciences 2003.

KOLMODIN, R.; BIJIMA, P. Response to mass selection when the genotype to environment interaction is modeled as a linear reaction norm. **Genetics Selection Evolution**, v.36, p.435-454.2004.

MARICLE, E.A. Genotype by environment interaction estimated by using reaction norms in cattle. Columbia; UM, 2008. 49p. **Dissertação** (Mestrado) – Universityof Missouri, 2008.

MATTAR, M. Interação genótipo–ambiente para peso ao sobreano na raça canchim. Jaboticabal, 2009. 104f. **Tese** (Doutorado em Zootecnia) - UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO" Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

MATTAR, M.; MEIRELLES, S.L.M.; OLIVEIRA, J.A.; ESPASANDIN, A.C.; QUEIROZ, S.A. Fatores genéticos e ambientais sobre a probabilidade de prenhez precoce em bovinos Caracu. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.5, p.1405-1410, set-out, 2007.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**. n. 46, p. 1219-1229, 1995.

PAULA, M.C., MARTINS, E.N.; SILVA, L.O.C.; OLIVEIRA, C.A.L,; VALOTTO, A.A,; RIBAS, N.P. Interação genótipo x ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.

PÉGOLO, N.T. Interação genótipo-ambiente e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte. Botucatu, 2005. 71f. **Dissertação** (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista.

PÉGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G; BEZERRA, L.A.F,; LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analysed by reaction norms models. **Genetics and Molecular Biology**, ahead of print, 2009.

POLLOTT, G.E.; GREEFF, J.C. Genotype x environment interactions and genetic parameters for fecal egg count and production traits of Merino sheep. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2840-2851, 2004.

REIS, J.C.; LÔBO, R.B. **Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: J.C.R./R.B.L., 1991. 194 p.

REVERTER, A.; TIER, B.; JOHNSTON, D. J.; GRASER, H.U. Assessing the efficiency of multiplicative mixed model equations to account for heterogeneous variance acros herds in carcass scan traits from beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.75, p. 1477 – 1485, 1997.

RIBEIRO, S.; ELER, J.P.; FORMIGONI, I.B.; PEDROSA ,V.B,; BALIEIRO, J.C.C,; MATTOS ECM,; FERRAZ JBS. Influence of genotype x environment interaction on weaning weight of Nellore cattle. In: World Congress Genetic Applied Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte, MG. **Proceedings**… Belo Horizonte, 2006, (CD-ROM).

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

SANTOS, G.G.; CORRÊA, G.S.S.; VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; FELIPE, P.S.; WENCESLAU, R.R. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em

crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. SOUSA, W. H.; LOBO, R. N. B.; Ó, A. O.; NETO, A. R.; CARVALHO, G. B.; SANTOS, G. V. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. In: 41º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, **Anais** eletrônicos – CD-ROM. Editora: Unipress Disc Records, 2004.

SCHLICHTING, C.D. e PIGLIUCCI, M. Phenotypic Evolution: A Reaction Norm Perspective. **Sinauer Associates**, Sunderland, MA, 1998.

SHARIATI, M.M. Statistical aspects and application of reaction norm models. Copenhagen; UC, 2007.101p. **Tese** (PhD) – University of Copenhagen, 2007.

SIMONELLI, S. M. Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo x ambiente no desempenho de animais Nelore em diferentes regiões do Estado do Mato Grosso do Sul. 2004. 117f. **Tese** (Doutorado em Zootecnia). Centro de Ciências Agrárias. Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2004. 1CD-ROM.

STRANDBERG, E. Analysis of genotype by environment interaction using random regression models. In: World Congress Genetic Applied Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte, MG. **Proceedings**… Belo Horizonte, 2006, (CD-ROM).

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S,; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R.,JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. DIAS, L. T. Interação genótipo-ambiente em cruzamentos de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1677-1683, 2006.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. GODO, 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.

TORRES, R. A. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais, 1998. 124p. **Tese** (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.

VALENTE, B.D. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais Nelore das regiões Sudeste e Centro-Oeste. Belo Horizonte; UFMG, 2007. 39p. **Dissertação** (Mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, 2007.

WARWICK, E.J.; LEGATES, J. **Cría y mejoramento del ganado**. 3 ed. México: McGraw-Hill, 1980. 623 p.

ZWALD, N.R., WEIGEL, K.A., FIKSE, W. F.; REKAYA, R. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.1009-1018, 2003.

CAPITULO 1 - RESUMO

AMBROSINI, Diego Pagung. **Normas de reação sobre o efeito direto e materno do peso aos 205 dias em bovinos da raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil**/ Diego Pagung Ambrosini – Itapetinga – BA: UESB/Mestrado em Zootecnia, cap. 1, 2012.

O objetivo deste estudo foi investigar a presença da interação genótipos ambientes (IGA) para o peso ajustado aos 205 dias de idade (P205) na raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil usando modelos de norma de reação (MNR). Os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático) e aleatório de grupo de contemporâneo (GC), genético aditivo direto, genético materno e efeito de ambiente permanente materno. O critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) mostraram que o MNR com variância residual homogênea e um passo ($MHNRHO_{1p}$) proporcionou melhor ajuste aos dados quando comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA). O gradiente ambiental no modelo escolhido para o P205 baseado nos efeitos do GC variou de -54 a 60 kg. As estimativas de variância genética aditiva direta e materna aumentaram com o gradiente ambiental (35,34±7,92 kg^2 a 134,42±25,97 kg^2 e 12,76±5,38 kg^2 a 58,22±19,74 kg^2 respectivamente), assim como as herdabilidades (0,08±0,02 a 0,24±0,04 e 0,03±0,01 a 0,10±0,04, respectivamente). A correlação intermediária (0,79±0,12 efeito direto e 0,70±0,15 para efeito materno) entre o intercepto e a inclinação da NR mostra que os animais com maiores valores genéticos respondem a melhoria do ambiente, caracterizando o efeito de escala bem como a IGA para o P205. A correlação de Spearman dos reprodutores com maior valor genético nos diferentes ambientes observou-se variações entre 0,41 e 0,98, apontando grande alteração na classificação, especialmente entre valores genéticos obtidos pelo Modelo Animal em comparação com os obtidos pelo $MHNRHO_{1p}$ nos ambientes superiores. Os resultados permitiram caracterizar a IGA e demostraram a necessidade de se ter avaliações específicas para ambientes de baixo, médio e alto nível de produção.

Palavras-chave: regressão aleatória, valor genético, zebuínos

CHAPTER 1 – ABSTRACT

AMBROSINI, Diego Pagung**. Norms of reaction on direct effect and maternal on weight at 205 days of age in Nellore Mocha in Northeastern Brazil** / Diego Pagung Ambrosini **–** Itapetinga – BA: UESB/ Zootechny Graduation Program, cap. 1, 2012.

The aim of this study was to investigate the presence of genotype environment interaction (GEI) for the adjusted weight at 205 days old (W205) in Polled Nelore breeds in Northeast Brazil using reaction norm models of (RNM). The reaction norms hierarchical models (RNHM) included the fixed effect of age of dam (linear and quadratic) and random contemporary group (CG), direct additive genetic, maternal genetic and maternal permanent environmental effect. The deviance information criterion (DIC) and the deviance based on conditional predictive ordinate (CPO) showed that the RNM with homogeneous residual variance and a step ($RNHM_{1S}Hm$) provided the best fit to the data compared to with models heterogeneous residual variance and the standard animal model (AM). The environmental gradient in the model chosen for the P205 based effects CG varied between -54 to 60 kg. Estimates of direct additive genetic variance and maternal increased with the environmental gradient (35.34±7.92 kg^2 to 134.42±25.97 kg^2 and 12.76±5.38 kg^2 to 58.22±19.74 kg^2 respectively), as well as the heritability (0.09±0.02 to 0.29±0.04 and 0.03±0.01 to 0.15±0.04, respectively). The intermediate correlation (0.79±0.12 direct effect and 0.70±0.15 for maternal effect) between the intercept and slope of RN shows that animals with higher breeding values respond to improve the environment, characterizing the effect of scale as well as GEI for the W205. The Spearman correlation between the sires with greater breeding value and levels of environmental gradient was 0.41 and 0.98, indicating large change in classification, especially between breeding values obtained by the Animal Model in comparison with the ones obtained by MHNR1pHm environments higher. The results allowed us to characterize the GEI and demonstrated the need to have specific evaluations for environments of low, medium and high level production.

Keywords: random regression, genetic value, zebu cattle

1. INTRODUÇÃO

Em virtude de sua enorme extensão territorial, o Brasil apresenta uma gama de ambientes para a produção animal. Neste sentido fazem-se necessários estudos de interação genótipos ambientes (IGA) para que se possa indicar o melhor genótipo para um determinado ambiente. Destaque deve ser feito para ao Nordeste Brasileiro, já que não existem estudos de IGA nesta região e cujas condições de criação existentes, abrangem desde áreas adequadas a produção animal a regiões menos favorecidas, próximo ao Nordeste Central, em que o semiárido se destaca.

Como a eficiência produtiva e reprodutiva dos animais, sejam bovinos, ovinos, caprinos, para corte ou leite, está diretamente relacionado ao comportamento diferencial dos genótipos no conjunto de fatores que caracterizam o ambiente, estudar e aplicar as normas de reação em determinada característica ao longo de um gradiente ambiental torna-se importante, uma vez que vários pesquisadores (BOLDMAN e FREEMAN, 1990; DONG e MAO, 1990; REVERTER et al., 1997; TORRES, 1998) encontraram heterogeneidade de variância genética e residual entre as classificações dos efeito genéticos e ambientais.

Estudos utilizando modelos de norma de reação (MNR) para avaliação da IGA têm se realizados em todo o mundo. Vários autores têm realizado trabalhos nas mais variadas espécies de interesse zootécnico, entre esses pode-se citar CALUS et al., (2006), SHARIATI (2007), BOHMANOVA et al., (2008) para bovinos de leite, CARDOSO e OLIVEIRA (2008), PÉGOLO et al., (2009), MATTAR, et al., (2009), CORRÊA (2009), FRANCO (2011) para bovinos de corte; POLLOTT e GREEFF (2004) para ovinos; KNAP e SU (2008) para suínos; e GEORG et al., (2009) para codornas de corte.

O efeito genético materno merece atenção especial no peso à desmama, pois pode influenciar consideravelmente no desenvolvimento de sua progênie, tanto na gestação quanto no período de amamentação. Caso este efeito seja ignorado, as estimativas dos parâmetros genéticos podem não ser adequadas e a eficiência da seleção prejudicada. Neste sentido, torna-se fundamental a avaliação da IGA, objetivando sua inclusão em avaliações genéticas futuras. Apesar de ainda não ser incluída nas avaliações genéticas rotineiras do Brasil, diversos pesquisadores como ALENCAR et al., (2005), ESPASANDIN (2011), FALCÃO et al., (2006), MASCIOLI et al., (2006), têm verificado a presença da IGA em estudos utilizando normas de reação ao ambiente em bovinos de corte. Com relação a modelagem incluindo o efeito materno em estudos de IGA utilizando normas de reação, nenhum estudo foi ainda realizado no Brasil.

Neste estudo, avaliou-se a IGA, incluindo efeito materno, sobre a característica peso ajustado aos 205 dias da raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil, por meio de norma de reação utilizando abordagem Bayesiana.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido utilizando-se registros de animais da raça Nelore Mocha nascidos entre 1975 e 2007 na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). De um banco de dados inicial com 35.221 registros, foram excluídos 8.637 animais sem registros de peso, 143 desconectados, 164 com medidas fora do intervalo estabelecido de 80 kg (2,42 desvio padrão) e 280 kg (8,49 desvio padrão), 171 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos, 624 reprodutores com menos de 5 progênies, 8.390 vacas com menos de 3 progênies e 6.948 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 5 observações e com média de peso acima de +3 desvios padrão. Desta forma, 10.144 foram utilizados para análises do peso aos 205 dias de idade (P205).

Primeiramente, foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, usando rotinas criadas por CARDOSO (2007) em linguagem SAS (SAS, 2002). Em seguida, foi testada a conexão dos grupos de contemporâneos (GC), baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC (ROSO e SCHENKEL, 2006). Foi realizada leitura da saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados. A conectabilidade dos grupos de contemporâneos (GC) resultou em apenas um arquipélago (GC com maior número de laços genéticos e todos GC a ele conectados) com 10.144 animais em 1.094 GC e 143 animais em 91 GC desconectados. Para as análises foi utilizado somente o arquipélago principal.

Os GC foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar e sexo. As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: maio, junho e julho; época 2: agosto, setembro e outubro; época 3: novembro, dezembro e janeiro; e época 4: fevereiro, março e abril).

O programa INTERGEN foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação.

O programa INTERGEN ajusta modelos hierárquicos de Bayes, ou seja, com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados, que contemplem a diversidade de situações comuns em dados de desempenho animal, sendo que, no caso dos modelos de normas de reação, o valor genético do animal é obtido por uma função do nível ambiental médio correspondente a solução do GC ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental há um valor genético específico de cada animal (CARDOSO, 2008). No estudo atual os animais foram agrupados em três classes: -1 desvio padrão, zero e +1 desvio padrão (29 kg). O fluxograma (Figura 1) mostra a sequência das análises realizadas.

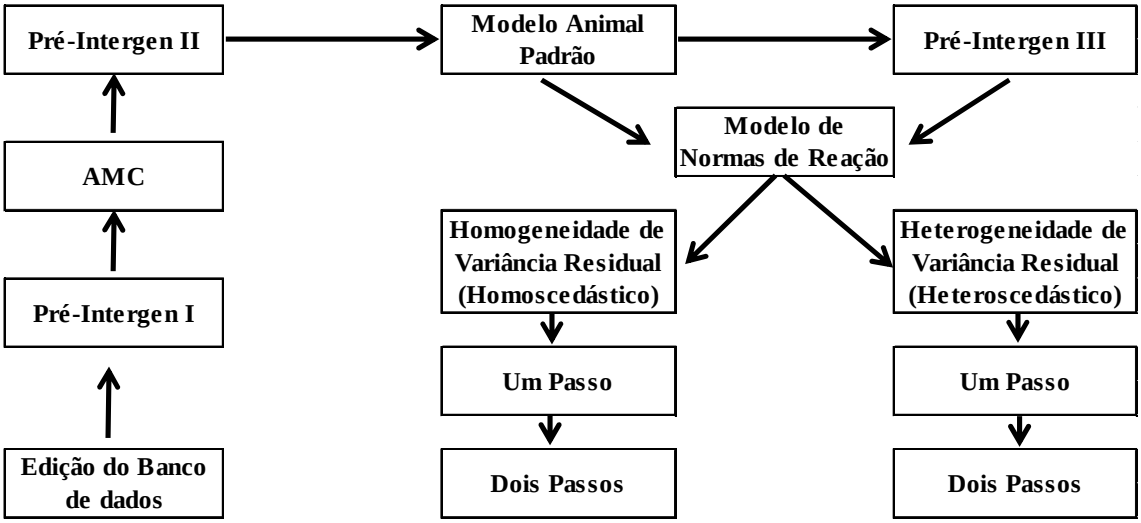


Figura 1 – Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises.

Foi utilizado um modelo animal Padrão (MA), que ignora a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental, o qual posteriormente foi usado como covariável nos modelos de normas de reação.

MA: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij}$ (1)

em que; y_{ij} é o registro do animal i no ambiente j; β, um vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x_i' corresponde ao vetor de incidência; X_j, efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i, valor genético aditivo do animal i; m_i, valor genético materno do animal i; ep_i, efeito de ambiente permanente materno e, e_{ij}; erro residual;

Adicionalmente, duas metodologias foram estudas para descrever os modelos hierárquicos de norma de reação (modelo hierárquico norma de reação com dois passos - $MHNR_{2P}$ e modelo hierárquico norma de reação com um passo $MHNR_{1P}$).

O modelo proposto por KOLMODIN et al., (2002), ao qual, utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, é chamado, modelo hierárquico norma de reação com dois passos ($MHNR_{2P}$), cujas equações são apresentadas a seguir:

MHNR$_{2P:}$ $y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}\hat{X}_j + b_{2i}\hat{X}_j + e_{ij}$ (2)

em que; ϕ=coeficiente de regressão fixo; a_i=valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; m=valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal i; ep_i, efeito de ambiente permanente materno; b_{1i}=coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação direta do animal i no ambiente representando por $\hat{X}_j$; b_{2i}=coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna do animal i no ambiente representando por $\hat{X}_j$; $\hat{X}_j$= preditor de $X_j$obtido no (1) e e_{ij}= o erro residual.

Além disso, utilizou-se a pressuposição de SU et al. (2006), chamada de modelo hierárquico de norma de reação um passo - MHNR$_{1P}$, no qual as estimativas dos efeito ambientais foram obtidas junto com a norma de reação dos animais, em que é X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo baixo:

MHNR$_{1P:}$ $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij}$ (3)

Duas diferenças pressuposições foram adotadas para a variância residual nos modelos: (a) homoscedasticidade para MA, MHNR$_{2P}$ (MHNRHO$_{1P}$) e MHNR$_{1P}$ (MHNRHO$_{2P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heteroscedasticidade para os modelos MHNR$_{2P}$ (MHNRHE$_{2P}$) e MHNR$_{1P}$ (MHNRHE$_{1P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

As variâncias genéticas, aditiva direta e materna no ambiente X, $\sigma_A^2|X$ e $\sigma_m^2|X$, foram obtidas por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}\left(a_i + b_{1i}X_j\right) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

$$\sigma_m^2|X = \text{var}\left(a_i + b_{2i}X_j\right) = \sigma_m^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

As herdabiliades foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h_a^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

$$h_m^2|X = \frac{\sigma_m^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

em que: $\sigma_e^2|X$ = variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2\hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico simplificado e σ_e^2 no modelo homoscedástico, no qual η = variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por CARDOSO et al., (2005b).

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas usando-se uma abordagem Bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), adotando o seguinte procedimento: a) Rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) utilizando o arquivo resposta

'varcompsam', e o pacote do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesiam Output Analysis - BOA (SMITH, 2007), aplicou-se o teste RAFTERY e LEWIS (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); e c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de HEIDELBERGER e WELCH (1983).

Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 330.000 e 660.000 ciclos. Médias, desvios padrão e percentis (0,025 e 0,975) a posteriori dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais obtidas pelo Procedim*ento KDE* do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002).

O ajuste dos diferentes modelos (MA, $MHNRHO_{1P}$, $MHNRHO_{2P}$, $MHNRHE_{2P}$ e $MHNRHE_{1P}$) aos dados foram avaliados através de três critérios: *Critério de Informação da Deviance* (DIC), *Deviance baseada nos Fatores de Bayes* (BF) *e Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional* – (CPO).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de GEWEKE (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p\left(\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i\right)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por BROOKS e ROBERTS (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{\left(\overline{l}_i^{\,A} - \overline{l}_i^{\,B}\right)}{\sqrt{\frac{1}{n_A}\hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B}\hat{S}_i^B(0)}},$$

em que $\overline{l}_i^{\,A} = \frac{1}{n_A}\sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$, $\overline{l}_i^{\,B} = \frac{1}{n_B}\sum_{j=n^*}^{m} l_i^{(j)}$, n_A= 66.000, n_B= 330.000, n^*= 330.001, e com $\hat{S}_i^A(0)$ e $\hat{S}_i^B(0)$, sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtida pelo Procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002), para os primeiros n_A e últimos n_B ciclos da cadeia MCMC de comprimento m. Valores absolutos extremos do escore Z_i, para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média e desvio padrão observados para o P205 foi de 172±29 kg. CONCEIÇÃO et. al, (2005) e SANTOS, et al., (2005), encontraram valores próximos para esta característica na raça Nelore Mocha no Sudoeste do Mato Grosso do Sul e Bahia respectivamente, com valores de 181±23 kg, e168±17 kg.

Os modelos hierárquicos normas de reação homoscedástico dois passos com a pressuposição de homogeneidade de variância residual ($MHNRHO_{2P}$) ou heterogeneidade ($MHNRHE_{2P}$) apresentaram problemas de convergência e com estimativas de parâmetros superestimadas. Assim, em virtude dos dados não se ajustarem a estes modelos, optou-se por apresentar apenas os resultados para os modelos animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) e modelo hierárquico normas de reação heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$).

Obteve-se convergência a 5% (p>0,05) para todos os parâmetros do MA (Tabela 1). Para o $MHNRHO_{1p}$ todos os parâmetros convergiram a 1% (p>0,01), o que foi comprovado pelos gráficos de traço dentro de um intervalo de 660.000 ciclos (Figura 2). CARDOSO et al., (2011) usaram o teste Geweke e encontraram convergência média para o modelo animal padrão com (Z: 1,08 e p-valor: 0,2788), para o $MHNRHO_{2p}$ (Z: 2,15 e p-valor 0,0310), para o $MHNRHO_{1p}$ (Z: –1,68 e p-valor: 0,0913), para o $MHNRHE_{2p}$ (Z: –2,25 e p-valor 0,0238) e para o $MHNRHE_{1p}$ (Z: –0,92 e p-valor: 0,3545).

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos.

Parâmetros	Teste Geweke	Modelos		
		ANIMAL	$MHNRHO_{1p}$	$MHNRHE_{1p}$
VC1	Z	-0,5402	-1,7083	-4,6067
	p-valor	0,5890	0,0875	4,0904
VC2	Z	-0,9051	1,5062	0,0240
	p-valor	0,3654	0,1320	0,9808
VC3	Z	1,4490	1,2159	-2,9572
	p-valor	0,1473	0,2239	0,0031
VC4	Z	-0,6516	0,7786	-0,3803
	p-valor	0,5146	0,4362	0,7036
VC5	Z	0,7217	0,3278	-3,4805
	p-valor	0,4704	0,7430	0,0005
VC6	Z	0,4688	-0,9775	-0,4898
	p-valor	0,6391	0,3282	0,6242
VC7	Z		-2,5118	-2,9085
	p-valor		0,0120	0,0036
VC8	Z		-1,1494	-0,4652
	p-valor		0,2505	0,6417
VC9	Z		-0,8866	0,5315
	p-valor		0,3752	0,5950
VC10	Z			6,8846
	p-valor			5,7935

VC11	Z	4,8846
	p-valor	3,0935

VC1 - Variância do Grupo de Contemporâneo (MHNR); VC1 - Variância efeito genético direto (MA); VC2 – Variância do intercepto da norma de reação (Efeito Direto) (MHNR); VC2 - Variância do efeito genético materno (MA); VC3 - Correlação entre Nível e Inclinação da Norma de Reação (Efeito Direto) (MHNR); VC3 – Correlação entre variância do efeito genético direto e materno (MA). VC4 - Variância da inclinação da norma de reação (Efeito Direto) (MHNR); VC4 - Variância do efeito de ambiente permanente materno (MA); VC5 - Variância do intercepto da norma de reação (Efeito Materno) (MHNR); VC5 - Variância do Grupo de Contemporâneo (MA); VC6 - Correlação entre Nível e Inclinação da Norma de Reação (Efeito Materno) (MHNR); VC6 - Variância do erro residual (MA); VC7 - Variância da inclinação da norma de reação (Efeito Materno) (MHNR); VC8 - Variância do efeito de ambiente permanente materno (MHNR); VC9 - Variância do erro residual (MHNR); VC10 - Parâmetro de heterogeneidade residual efeito direto (MHNRE) e VC11 - Parâmetro de heterogeneidade residual (MHNRE) efeito materno.

Entre os MNR, o $MHNRHO_{1P}$ proporcionou ajuste superior aos dados, sendo o melhor modelo em dois dos três critérios estudados (DIC e CPO). O $MHNRHO_{1P}$ foi inferior apenas para a FB, contudo obteve a segunda colocação neste critério (Tabela 2). O fato do MA ter obtido boas colocações dentro dos critérios pode estar relacionado ao princípio da parcimônia, em que existe tendência da escolha de modelos menos parametrizados. No MHNRHO, os critérios da deviance baseada na ordenada preditiva condicional e o critério de informação da deviance indicaram que suposição de homogeneidade de variância residual foi melhor que a heterogeneidade.

Tabela 2 - Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).

Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	89388,50$^{(2)}$	91269,01$^{(2)}$	85673,88$^{(1)}$
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	88351,23$^{(1)}$	90549,61$^{(1)}$	87947,24$^{(2)}$
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	89995,46$^{(3)}$	92046,88$^{(3)}$	88882,07$^{(3)}$

1, 2, 3: indicam a classificação do melhor ajuste.

CARDOSO et al., 2007; CORRÊA et al., 2007; CARDOSO et al., 2011e MATTAR et al., 2011), utilizaram modelos de normas de reação com homogeneidade e heterogeneidade de variância residual para avaliar o ganho de peso padronizado pós desmama para as raças Angus, Devon, Hereford e Canchim, respectivamente. Nesses estudos, compararam os MHNR com o MA e observaram que o ajuste para os MHNRHO foram superiores aos modelos MHNRHE e MA.

O comprimento das cadeias Markov para o modelo de norma de reação homoscedástico (modelo escolhido) foi de 660.000 ciclos com 60.000 (*burn-in*) de aquecimento (descarte de 10%), gerando amostras posteriores a cada 113 ciclos. A convergência da cadeia foi avaliada além do teste GEWEKE, (1992) pelos gráficos de traços dos valores amostrais de todos os componentes de (co) variância versus o ciclo da cadeia (Figura 2).

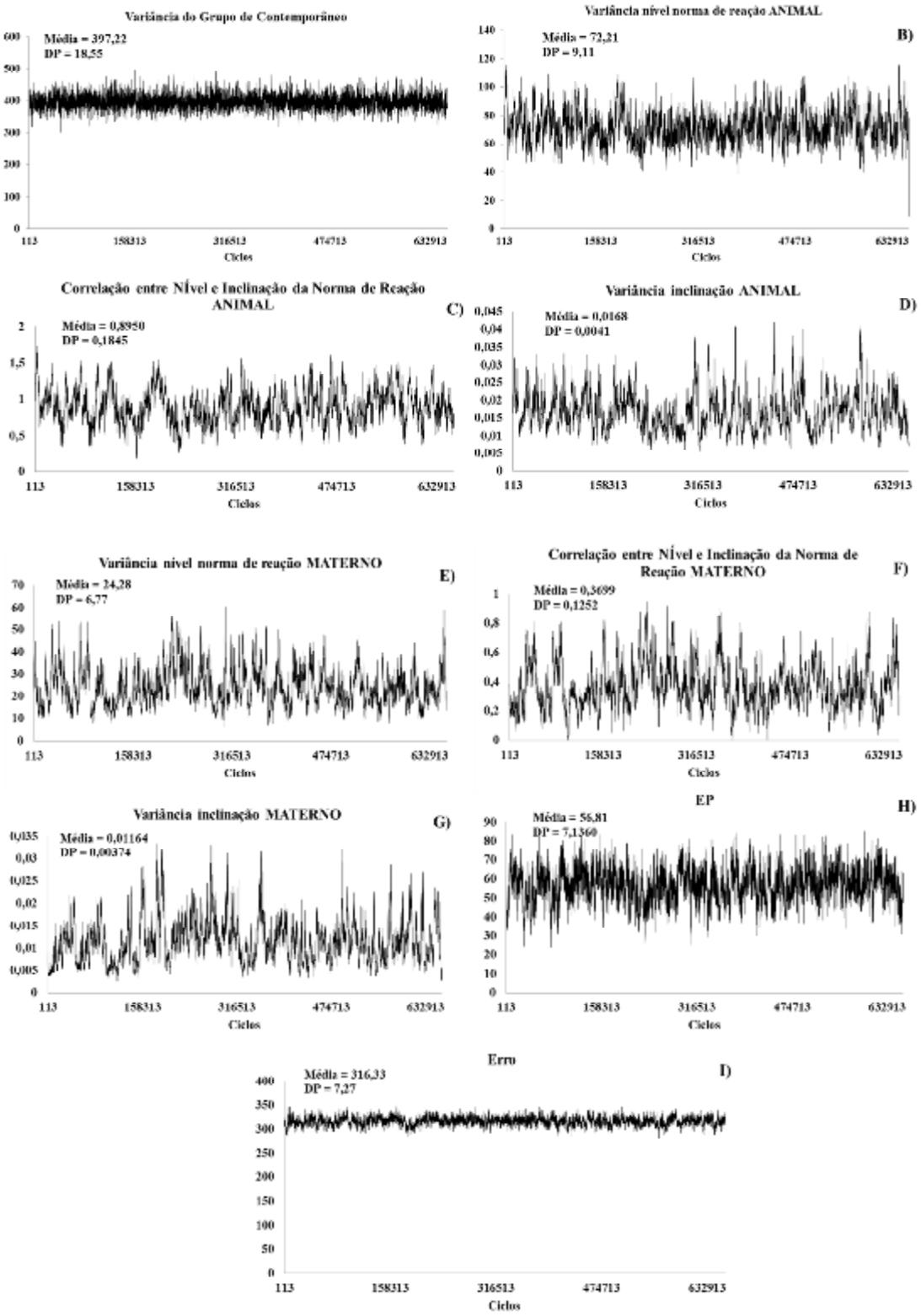


Figura 2 - Média, desvio padrão e gráficos de traços dos componentes de (co)variâncias versus ciclos de Cadeia de Markov para variância de Grupo de Contemporâneo (A); variância do Nível da Norma de Reação, Direta (B) e Materna (E); correlação entre Nível e Intercepto da Norma de Reação, Direta (C) e Materna (F); variância do Intercepto da Norma de Reação, Direta (D) e Materna (G); variância do Efeito de Ambiente Permanente Materno (H) e variância do Erro Residual (I).

Para o modelo $MHNRHO_{1p}$, as soluções do gradiente ambiental variaram de – 54 a 60kg, caracterizando níveis ambientais de baixo e alto nível de manejo. As estimativas de herdabilidade direta e materna para o modelo animal foram de 0,35±0,03 e 0,11±0,02, respectivamente (Figura 3). Estes valores foram superiores à estimativa do $MHNRHO_{1p}$ em todos os níveis das normas de reação, e está acima dos valores encontrados por CARDOSO et. al. (2004), CARDOSO et al., (2005a) e CORRÊA et al., (2009) para a herdabilidade direta do ganho pós-desmama padronizado (GPD365) via MA (0,19±0,02; 0,18±0,01 e 0,13±0,017 respectivamente). Salienta-se, que os dados utilizados nestes trabalhos, são de animais de raças Taurinas, criados na região Sul do Brasil.

Ao comparar os resultados, via modelo animal do presente estudo (direta 0,35±0,03 e materna 0,11±0,02), com aqueles obtidos por MALHADO, et al., (2005), utilizando máxima verossimilhança restrita para o P205 da raça Nelore Mocha no estado da Bahia, observa-se valores inferiores para a herdabilidade direta (0,24±0,04) e superiores para herdabilidade materna (0,20±0,06).

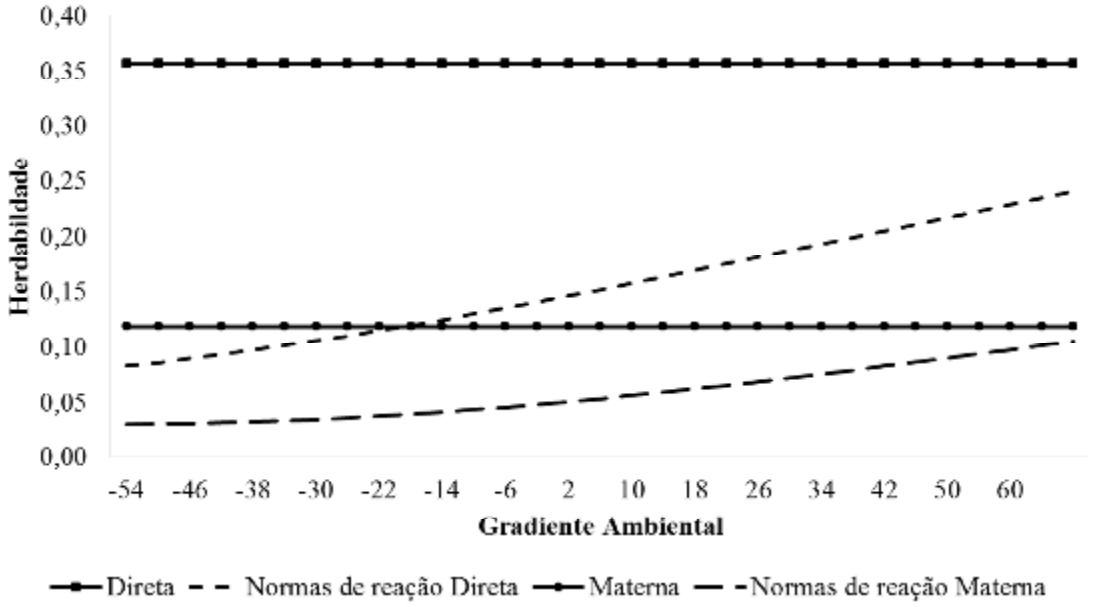
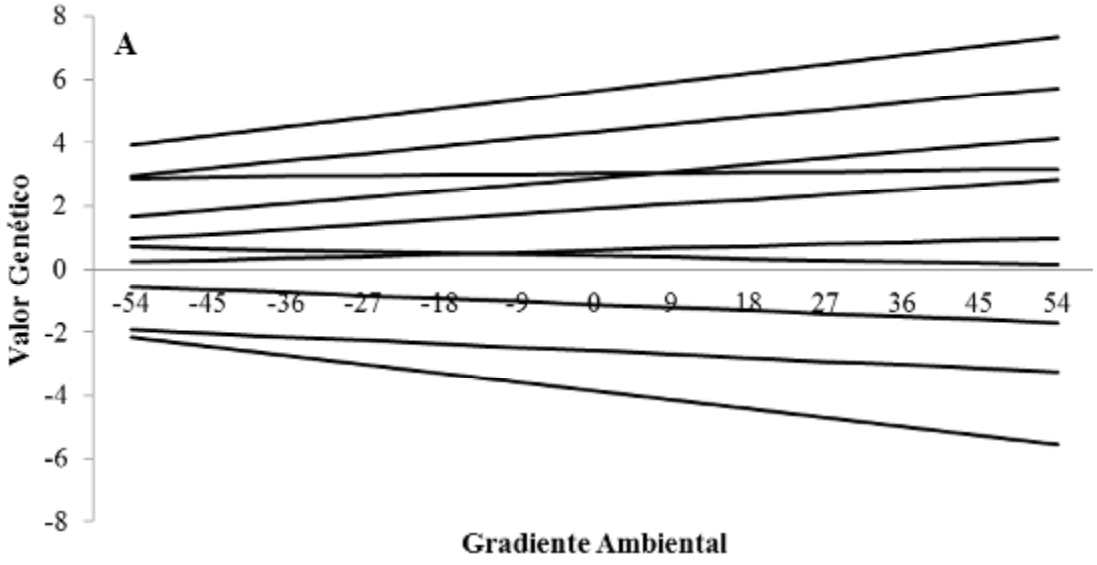


Figura 3 - Herdabilidades da característica P205 para os efeitos direto (A) e materno (B) nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

A média posterior da correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foi moderada para o efeito direto e materno (0,79±0,12 e 0,70±0,15, respectivamente). Isto indica que os animais com maior valores genéticos direto e materno para o peso aos 205 dias responderam à melhoria do ambiente, o que caracteriza efeito de escala de IGA (FALCONER e MACKAY, 1996).

O efeito em escala pode ser observado ao longo de todos os níveis ambientais, com aumento diferenciado dos valores genéticos dos reprodutores com a melhora no ambiente. IGA complexa foi observada para os reprodutores com mudança na classificação dos animais pelos valores genéticos diretos e maternos nos ambientes baixos, médios e altos (Figura 4A e 4B). Os animais com maior valor genético foram os que mais responderam a melhora ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade e mais responsivos. CARDOSO et al., (2005a) obtiveram resultados semelhantes para o ganho pós desmama de bovinos Angus no Rio Grande do Sul e KOLMODIN et al., (2002) que igualmente mostraram através normas de reação um efeito em escala para produção de proteína em bovinos nórdicos leiteiros.

MATTAR, et al., (2009) utilizaram uma escala que permitiu classificar os genótipos de acordo com as inclinações das normas de reação dos animais. Estes autores encontraram variação de -0,40 a 0,50 graus e observaram maior incidência de genótipos robustos e intermediários (13.968 animais), com inclinações entre -0,2 e 0,2. No atual estudo, as inclinações das normas de reação variaram de -0,36 a 0,23 graus para o efeito direto e, apontaram maior incidência de genótipos robustos e intermediários em 99,35% dos animais (10.100 animais), com inclinações entre -0,20 e 0,20 graus. Genótipos plásticos (-0,36 a 0,19 graus e 0,19 a 0,23 graus) foram observados apenas para 0,65% dos animais (44 animais). Para o efeito materno as inclinações tiveram variação inferior, de -0,15 a 0,14 graus, o que demonstra apenas genótipos robustos e intermediários. Contudo, é observado (Figura 4A e 4B), pela norma de reação para os efeitos direto e materno dos 10 reprodutores com maior número de filhos, que mesmo genótipos pouco plásticos, mostram alterações no mérito genético dos animais ao longo do gradiente ambiental (Figura 4B).



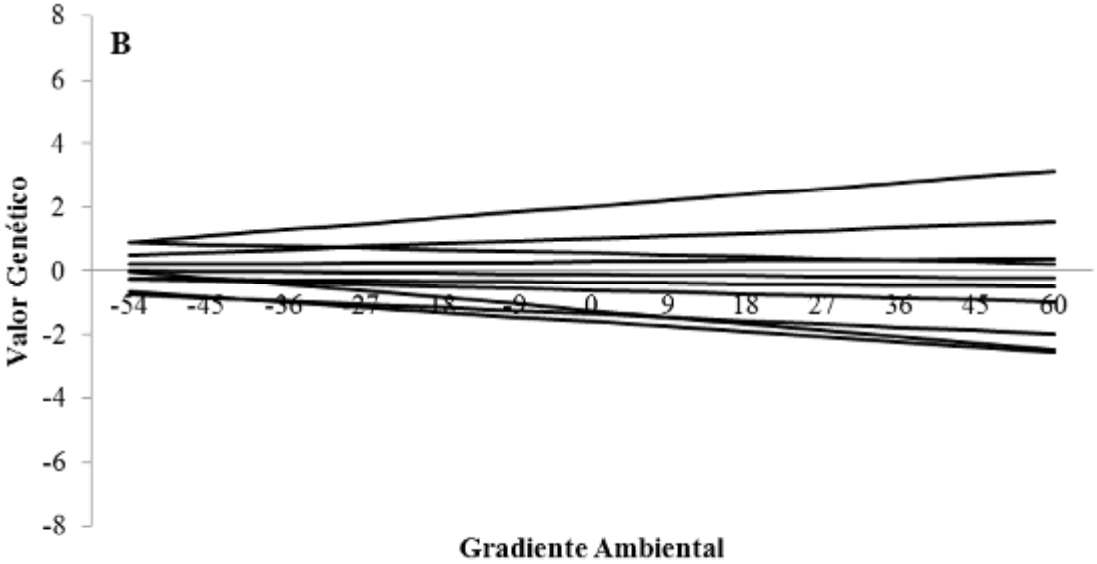


Figura 4 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto (A) e materno (B) obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

Um dos fatores que podem ter colaborado para esta situação é a habilidade materna, expressa principalmente pela produção de leite. Filhas de touros que produzem em melhores condições ambientais, podem expressar melhor seu fenótipo e nutrir melhor suas crias à medida que os ambientes se tornam mais favoráveis. Estes resultados demostram a importância de incluir a IGA nas avaliações genéticas, com o objetivo de se buscar melhor desempenho em ambientes distintos, selecionando genótipos robustos altamente produtivos, ou privilegiando genótipos plásticos que respondam positivamente as melhorias do ambiente.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores variaram de 0,41 a 0,98 nos diferentes ambientes e modelos, quando somente 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos (acima da diagonal) e de 0,43 a 0,95 quando 10% dos reprodutores (abaixo da diagonal) foram selecionados, respectivamente (Tabela 3).

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	**MA**		**$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)**		**$MHNRHO_{1p}$ (Médio)**		**$MHNRHO_{1p}$ (Alto)**	
MA			0,41	(0,1745)	0,44	(0,1697)	0,55	(0,0389)
$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)	0,49	(0,0086)			0,93	(0,0001)	0,98	(0,0001)
$MHNRHO_{1p}$ (Médio)	0,43	(0,0258)	0,93	(0,0001)			0,90	(0,0001)
$MHNRHO_{1p}$ (Alto)	0,56	(0,0023)	0,95	(0,0001)	0,79	(0,0001)		

Entre parênteses p-valor

As menores correlações foram observadas na comparação do modelo animal com os modelos de normas de reação, confirmando a presença da interação genótipos ambientes. Não houve consideráveis mudanças na classificação quando comparado os níveis baixo, médio e alto

do $MHNRHO_{1p}$. Observou-se pouca diferença quando foram considerados os 5% melhores reprodutores em relação aos 10% melhores (Tabela 3).

Quando considerados apenas 5% dos melhores reprodutores, a maior diferença na classificação obtida foi entre o MA e o nível médio da MHNR (0,41), seguida da correlação entre o MA e o nível baixo da MHNR (0,44) e da correlação entre MA e o nível alto do MHNR (0,55), demonstrando alteração na classificação. Quando considerados os 10% melhores reprodutores, observou-se que as correlações foram próximas às observadas para os 5%, variando de 0,49 a 0,95. A maior diferença obtida foi entre o MA e o nível médio da MHNR (0,43) e entre o MA e o nível baixo do MHNR (0,49), indicando também alteração na classificação.

CORRÊA et al (2007) obtiveram estimativas de correlações de Spearman inferiores, com valor de 0,12 a 0,98 para os 5% melhores reprodutores e superiores para os 10% dos reprodutores , com valor de 0,75 a 0,99 para o ganho pós desmama padronizado aos 365 dias (GPD365). De acordo com estes autores foi observada moderada a alta alteração na classificação dos reprodutores da raça Devon. Porém, as correlações são inferiores às encontradas por CARDOSO et al., (2005a), que obtiveram correlações variando entre 0,74 e 0,91, sinalizando para um efeito moderado da interação IGA na classificação do mérito genético dos animais. KOLMODIN et al., (2002) observam alteração na classificação de reprodutores leiteiros, demonstrando que, para os registros de baixa performance, a classificação teria benefícios se realizada em ambiente específico.

As correlações genéticas entre os valores genéticos nos diferentes gradientes ambientais demonstraram menos amplitude das correlações genéticas para efeito direto (Figura 5A) no $MHNRHO_{1P}$ (0,82 a 1,00) e maior para o efeito materno (0,52 a 1,00) (Figura 5 B), o que denota IGA. Os resultados aqui obtidos diferem dos apresentados por CORRÊA et al., (2009), que observaram correlações genéticas negativas entre os níveis do gradiente ambiental para o ganho pós desmama padronizado aos 365 dias. Já MATTAR et al., (2011) observaram valores entre 0,24 a 1,00, caracterizando que os animais eram mais responsivos à melhoria do nível do gradiente ambiental. Esses resultados indicam que o material genético necessário para produção nos vários níveis ambientais deve ser diferente, mesmo que parcialmente.

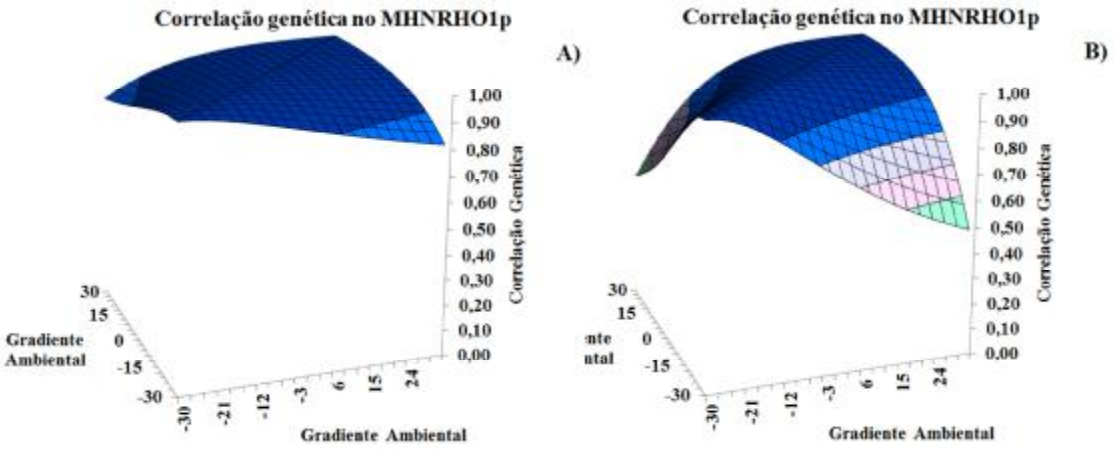


Figura 5 - Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) e o gradiente ambiental.

A aplicação de modelos de normas de reação em estudo de IGA na raça Nelore Mocha do Nordeste é inédito e permitiu caracterizar a IGA para esta população. Observou-se, efeito de escala, com respostas diferenciadas dos genótipos frente ao gradiente ambiental e alteração na classificação dos animais, especialmente para os valores genéticos maternos. As mudanças foram maiores nos ambientes de produção superiores, ou seja, à medida que o ambiente se torna favorável, aumenta a diferença entre os valores genéticos dos animais, uma vez que estes têm condições para expressar todo seu potencial genético.

4. CONCLUSÕES

Existe interação genótipos ambientes na população de bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil tanto para o efeito direto quanto para o materno. Sendo a pressuposição de homogeneidade de variância residual e um passo, que melhor se ajustou aos dados. Observou efeitos em escala da interação genótipos ambientes, e inversão na classificação dos reprodutores nos níveis do gradiente ambiental, comprovados pela magnitude das correlações de Spearman entre os reprodutores com maiores valores genéticos. A inclusão desta metodologia nos programas de melhoramento poderá aumentar a eficiência da seleção e levar a maior progresso genético para esta raça.

5. REFERÊNCIAS

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

BOLDMAN, K. G.; FREEMAN, A. E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, p. 503 – 512, 1990.

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S;NORMAN H.D.; LAWLOR T.J. Genotype by environment interaction dueto heat stress. **Journal of Dairy Science**, v.91, p.840-846, 2008.

BROOKS, S. P.; ROBERTS, G. O. Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo. **Statistics and Computing**, v. 8, n. 4, p.319-335, Dec. 1998.

CALUS, M.P.L. Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle. Wagenigen; WU, 2006.181p.**Tese (PhD)** – Wagenigen University, 2006.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN** – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal. Embrapa Pecuária Sul. Bage, p.45. 2007.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical Bayes multiplebreed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population**. Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELLINO, R.A. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 42.º, 2005, Goiânia/GO. **Anais** ... Goiânia: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2005a.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais**... Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. (CD-ROM).

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos, SP. **Anais**... São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005b.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CONCEIÇÃO, F.M.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; BRAGANÇA, V.L.C.; SOUZA, J.C. Fatores ambientais que influenciam o peso à desmama, ano e sobreano em bovinos da raça nelore mocha, no sudoeste de mato grosso do sul – Brasil. **Archives of Veterinary Science**. v. 10, n. 2, p. 157-165, 2005.

CORRÊA, M. B. B. Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória. Pelotas, 2007. 87p. **Tese** (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração: Melhoramento Animal, Doutor em Ciências) Universidade Federal de Pelotas.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

DONG, M. C.; MAO, I. L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra herd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, p. 843 – 851, 1990.

ESPASANDIN, A.C.; URIOSTE, J.I.; CAMPOS, L.T.; ALENCAR, M.M. Genotype × country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.40 n.3 Viçosa mar. 2011.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N.; SAKAGUTI, S.E.; MAZUCHELI, J. Heteroscedasticidade entre Estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa, usando métodos bayesianos via amostrador de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.405-414, 2006.

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

FRANCO, I.L. Interação genótipo x local x regime alimentar em bovinos nelore na região nordeste por meio de componentes principais de três modos. 2011. 56 p. **Dissertação** (mestrado em zootecnia) Universidade do Sudoeste da Bahia, Itapeginga-BA.

GEORG, P.C.; PAIVA, E; CONTI, A.C.M.; MARTINS, E. N.; GASPARINO, E.; SANTOS, A.L. Interação genótipo X ambiente em codornas de postura alimentadas com rações com dois níveis de energia metabolizável. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.38 no.9 Viçosa set. 2009.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 526p, 1992.

HEIDELBERGER, P. e WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, 31, 1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia**, Section A, Animal Science, v.52, p.11–24, 2002.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.M.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; FACÓ, O.; MALHADO, C.H.C.; PICCININ, A. Tendência e Parâmetros Genéticos para o

Peso aos 205 Dias de Idade em Bovinos da Raça Nelore Mocha no Estado da Bahia. **Revista de Ciência e Produção Animal**., v.7, n.2, 2005.

MASCIOLI, A.S. et al., 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.

MATTAR, M.; C.; CARDOSO, F. F.;ALENCAR, M. M. Plasticidade fenotípica e heterogeneidade de variância para o peso ao sobreano de bovinos Canchim via norma de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 46.º, 2009, Maringa/PR. **Anais** ...Maringa: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2009.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**,2011.

PÉGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G; BEZERRA, L.A.F,; LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analysed by reaction norms models. **Genetics and Molecular Biology**, ahead of print, 2009.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R foundation for statistical computing. URL http://www.R-project.org, 2008.

RAFTERY, A E., LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistic Science**, v.7, p 493-497, 1993.

REVERTER, A.; TIER, B.; JOHNSTON, D. J. et al. Assessing the efficiency of multiplicative mixed model equations to account for heterogeneous variance across herds in carcass scan traits from beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.75, p. 1477 – 1485, 1997.

ROSO, V.M.; SHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: 8th World Congress on Genetics Applied to **Livestock Production**. Belo Horizonte, MG, Brasil August 13-18, communication no 27-26 p., 2006.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; CUNHA, E.E.; SOUZA, J.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science.** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2002.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 User's manual**. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SHARIATI, M.M. Statistical aspects and application of reaction norm models. Copenhagen; UC, 2007.101p. **Tese** (PhD) – University of Copenhagen, 2007.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S,; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R., JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

CAPITULO 2 - RESUMO

AMBROSINI, Diego Pagung. **Interação genótipo ambiente via norma de reação para o peso aos 365 dias de idade na raça nelore mocha da região Nordeste do Brasil**/ Diego Pagung Ambrosini – Itapetinga – BA: UESB/Mestrado em Zootecnia, cap. 2, 2012.

O objetivo deste estudo foi investigar a presença da interação genótipos ambientes (IGA) para o peso ajustado aos 365 dias de idade (P365) na raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil usando modelos de norma de reação (MNR). Os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático) e aleatório de grupo de contemporâneo (CG) e genético aditivo. O critério de informação da deviance (DIC) e da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), mostraram que o modelo de NR com variância residual homogênea e um passo ($MHNRHO_{1p}$) proporcionou melhor ajuste aos dados quando comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA). As soluções do gradiente ambiental no modelo escolhido baseado nos efeitos dos GC variaram de -95 a 120 kg. As estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade aumentaram com a melhora do gradiente ambiental (64,41±13,24 kg^2 a 842,31±58,29 kg^2 e 0,11±0,01 a 0,63±0,02, respectivamente). A correlação genética (0,96±0,012) entre o intercepto e a inclinação da NR mostrou que os animais com maiores valores genéticos respondem melhor a melhoria do ambiente, caracterizando a IGA para o P365 dias. As correlações de Spearman entre as classificações dos 5% e 10% reprodutores com maior valor genético no MA e $MHNRHO_{1p}$ nos diferentes ambientes mostraram variações entre 0,69 e 0,99, apontando alteração na classificação, especialmente entre valores genéticos obtidos pelo MA em comparação com os obtidos pelo $MHNRHO_{1p}$ nos ambientes superiores. Os resultados permitiram caracterizar a IGA e demostram a necessidade de se ter avaliações específicas para ambientes de baixo, médio e alto nível de produção.

Palavras-chave: regressão aleatória, valor genético, zebuínos

CHAPTER 2 – ABSTRACT

AMBROSINI, Diego Pagung**. Genotype environment interaction using reaction norms models to the weight at 365 days of age in Polled Nelore breeds Northeast Brazil**/ Diego Pagung Ambrosini **–** Itapetinga – BA: UESB/ Zootechny Graduation Program, cap. 2, 2012.

The objective of this study was to investigate the presence of genotype environment interaction (GEI) for adjusted weight at 365 days (W365) in Polled Nelore breeds in northeastern Brazil using models of reaction norm (MNR). The reaction norms hierarchical models (RNHM) included the fixed effect of age of dam (linear and quadratic) and random contemporary group (CG) and additive genetic. The deviance information criterion (DIC) and the deviance based on Bayes factors (BF) showed that the RN model with homogeneous residual variance and a step ($MHNR_{1p}Hm$) provided the best fit to the data compared to models with residual variance heterogeneous and the standard animal model (AM). The solutions of the environmental gradient in the model chosen based on the effects of GC ranged from -95 to 120 kg. The estimates Additive genetic variance and heritability increased with the improvement of the environmental gradient (64.41±13.24 kg^2 to 842.31±58.29 kg^2 and 0.11±0.01 to 0.63±0.02, respectively). The genetic correlation (0.96±0.012) between the intercept and slope of RN showed that animals with high genetic values respond best to improve the environment, characterizing the GEI for the W365 days. The Spearman correlation between the classifications of 5% and 10% sires with higher breeding value in MA and MHNR1pHm in different environments showed variations between 0.69 and 0.99, indicating change in classification, especially between breeding values obtained by MA compared $MHNR_{1p}Hm$ with the ones obtained by the higher environments. The results allowed us to characterize the GEI and demonstrate the need to have specific evaluations for environments of low, medium and high level of production.

Keywords: random regression, genetic value, zebu cattle

1. INTRODUÇÃO

Há algum tempo pensava-se que genoma de um determinado animal ou organismo era estático, não sofria modificações e as características de desempenho e/ou morfológicas eram transmitidas às gerações seguintes exclusivamente com base na estrutura genética dos ancestrais. Contudo, hoje sabe-se que o genoma é dinâmico, e pode mudar de uma célula para outra em um organismo multicelular, uma vez que as histonas, que são herdáveis, podem sofrer metilações e consequentemente gerar modificações nas moléculas de DNA. Ou seja, mudanças no genoma podem ser transmitidas, ativando, desativando ou modificando a expressão gênica.

Uma das alternativas para o estudo destas modificações geradas pelo ambiente ao genoma é o estudo das normas de reação (NR), já que o genótipo não determina o fenótipo, mas sim, uma gama de fenótipos possíveis. A norma de reação é todo o repertório de vias alternativas de desenvolvimento e metabolismo que podem ocorrer nos portadores de um dado genótipo em todos os ambientes possíveis, favoráveis e desfavoráveis, naturais ou artificiais.

De acordo com DE JONG (1990), a NR é a mudança sistemática na expressão média fenotípica que ocorre em resposta a uma mudança sistemática na variável ambiental. A NR descreve o fenótipo de um animal como uma função contínua do ambiente (WOLTERECK, 1909 e LYNCH e WALSH, 1998, citados por KOLMODIN, 2003) e expressa o fenótipo como uma função polinomial do valor ambiental, em que os coeficientes polinomiais são assumidos estar sob influência genética (DE JONG, 1995). Dessa forma, o modelo norma de reação (MNR) descreve características que mudam gradualmente e continuadamente sobre um gradiente ambiental, assim, pode ser utilizado para o estudo da interação genótipos ambientes.

O Brasil é um país de contrastes nos mais variados aspectos, devido sua enorme extensão territorial. Entre estes contrastes a produção animal merece atenção especial, em que as raças e sistemas de produção são muito variados. Neste cenário o Brasil se torna um importante local para os estudos de IGA. Contudo, nas avaliações genéticas atuais a IGA não é considerada, considera-se apenas um modelo com homogeneidade de variância genética e residual.

Pesquisadores como CARDOSO et al., 2011, CORRÊA et al., 2009, ESPASANDIN, et al., 2011 e MATTAR, et al., 2011 aplicaram a inferência Bayesiana nos estudos de IGA e verificaram a existência de heterogeneidade de variância genética em Taurinos criados na Região Sul do Brasil. Entretanto, estudos com Zebuínos da região Nordeste do Brasil ainda não foram realizados.

Desta forma, objetivou-se com este estudo verificar a presença da IGA para peso ajustado aos 365 dias de idade na raça Nelore Mocha por meio da norma de reação utilizando abordagem Bayesiana.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido utilizando-se registros de animais da raça Nelore Mocha nascidos entre 1975 e 2007 na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). De um banco de dados inicial com 35.221 registros, foram excluídos 18.267 animais sem registros de peso, 112 desconectados, 102 com medidas fora do intervalo estabelecido de 120 kg (2,60 desvio padrão) e 450 kg (9,78 desvio padrão), 171 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos, 294 reprodutores com menos que 5 progênies e 5.701 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 5 observações e com média de peso acima de + 3 desvios padrões. Assim, 10.574 foram utilizados para análises para do peso ajustado aos 365 dias de idade (P365).

Primeiramente, foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, usando rotinas criadas por CARDOSO (2007) em linguagem SAS (SAS, 2002). Em seguida, foi testada a conexão dos grupos de contemporâneos (GC), baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC (ROSO e SCHENKEL, 2006). Foi realizada leitura da saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados. A conectabilidade dos grupos de contemporâneos (GC) resultou em apenas um arquipélago (GC com maior número de laços genéticos e todos GC a ele conectados) com 10.574 animais em 828 GC e 112 animais em 20 GC desconectados. Para as análises foi utilizado somente o arquipélago principal.

Os GC foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar, fazenda e sexo. As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: maio, junho e julho; época 2: agosto, setembro e outubro; época 3: novembro, dezembro e janeiro; e época 4: fevereiro, março e abril).

O programa INTERGEN foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação.

O programa INTERGEN ajusta modelos hierárquicos de Bayes, ou seja, com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados, que contemplem a diversidade de situações comuns em dados de desempenho animal, sendo que, no caso dos modelos de normas de reação, o valor genético do animal é obtido por uma função do nível ambiental médio correspondente a solução do GC ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental há um valor genético específico de cada animal (CARDOSO, 2008). No estudo atual os animais

foram agrupados em três classes: -1 desvio padrão, zero e +1 desvio padrão (48 kg). O fluxograma (Figura 1) mostra a sequência das análises realizadas.

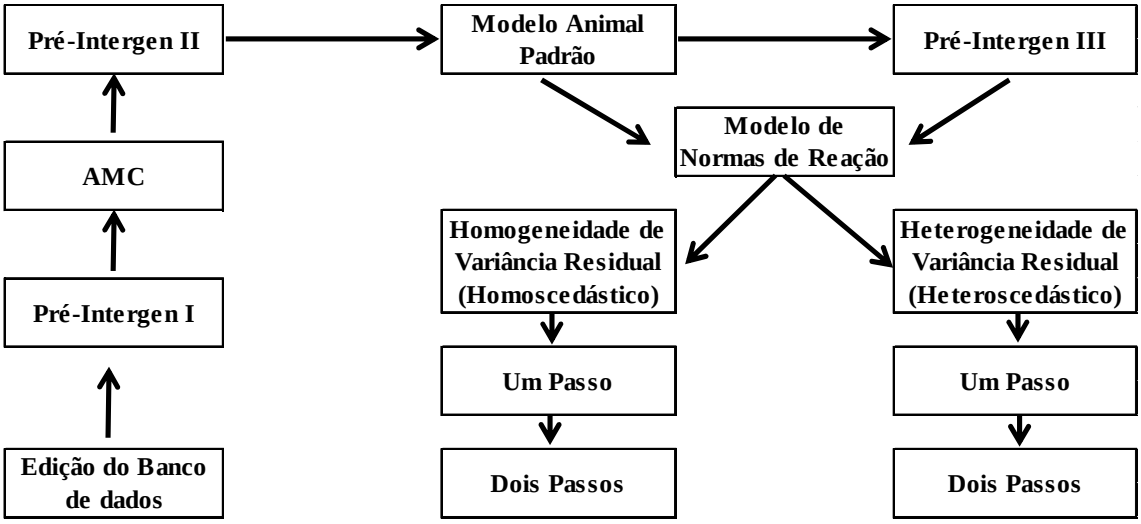


Figura 1 – Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises.

Foi utilizado um modelo animal Padrão (MA), que ignora a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental, aos quais posteriormente foram usados como covariáveis nos modelos de normas de reação.

MA: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + e_{ij}$ (1)

em que; y_{ij}e o registro do animal i no ambiente j; β, um vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x_i' corresponde ao vetor de incidência; X_j, efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i, valor genético aditivo do animal i e, e_{ij}; erro residual;

Adicionalmente, duas metodologias foram estudas para descrever os modelos hierárquicos de norma de reação (modelo hierárquico norma de reação com dois passos - $MHNR_{2P}$ e modelo hierárquico norma de reação com um passo $MHNR_{1P}$).

O modelo proposto por KOLMODIN et al., (2002), ao qual, utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, é chamado, modelo hierárquico norma de reação com dois passos ($MHNR_{2P}$), e as equações são apresentadas a seguir:

$MHNR_{2P}$: $y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + b_i\hat{X}_j + e_{ij}$ (2)

em que; ϕ=coeficiente de regressão fixo; a_i=valor genético aditivo do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; b_i=coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação do animal i no ambiente representando por $\hat{X}_j$; $\hat{X}_j$= preditor de X_j obtido no (1) e e_{ij}= erro residual.

Além disso, utilizou-se a pressuposição de SU et al., (2006), chamada aqui de modelo hierárquico norma de reação um passo - $MHNR_{1P}$, no qual as estimativas os efeito ambientais foram obtidas junto com a norma de reação dos animais, em que é X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo baixo:

$MHNR_{1P:}$ $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + b_iX_j + e_{ij}$ (3)

Duas diferentes pressuposições foram adotadas para a variância residual nos modelos: (a) homocedasticidade para MA, $MHNR_{2P}$ ($MHNRHO_{1P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHO_{2P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heteroscedasticidade para os modelos $MHNR_{2P}$ ($MHNRHE_{2P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHE_{1P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

A variância genética aditiva no ambiente X, $\sigma_A^2|X$, foi obtido por:

$\sigma_A^2|X = \text{var}\,(a_i + b_i\text{X}) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2x^2 + 2\sigma_{ab}x.$

A herdabiliadde foi estimada pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + {}_e^2|X}$$

em que: σ_e^2 = variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2\hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico simplificado e σ_e^2 no modelo homoscedástico, no qual η = variância do parâmetro de heterogeneidade no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por CARDOSO et al., (2005).

As estimativas dos parâmetros foram obtidas usando-se uma abordagem bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), adotando o seguinte procedimento: a) Rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) utilizando o arquivo resposta ‘*’varcompsam’*, e o pacote do programa R(R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesiam Output Analysis - BOA (SMITH, 2007), aplicou-se o teste RAFTERY e LEWIS (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de HEIDELBERGER e WELCH (1983).

Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 55.000 e 220.000 ciclos. Médias, desvios-padrão e percentis (0,025 e 0,975) a posteriori dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais obtidas pelo Procedim*ento KDE* do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002).

O ajuste dos diferentes modelos (MA, $MHNRHO_{1P}$, $MHNRHO_{2P}$**,** $MHNRHE_{2P}$ e $MHNRHE_{1P}$) aos dados foram avaliados através de três critérios: *Critério de Informação da Deviance* (DIC), *Deviance baseada nos Fatores de Bayes* (BF) *e Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional* – (CPO).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de GEWEKE (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p\left(\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i\right)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por BROOKS e ROBERTS (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{\left(\overline{l}_i^{\,A} - \overline{l}_i^{\,B}\right)}{\sqrt{\frac{1}{n_A}\hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B}\hat{S}_i^B(0)}},$$

em que $\overline{l}_i^{\,A} = \frac{1}{n_A}\sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$, $\overline{l}_i^{\,B} = \frac{1}{n_B}\sum_{j=n^*}^{m} l_i^{(j)}$, n_A= 22.000, n_B = 110.000, n^*= 110.001, e com $\hat{S}_i^A(0)$ e $\hat{S}_i^B(0)$, sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtida pelo Procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002), para os primeiros n_A e últimos n_B ciclos da cadeia MCMC de comprimento m. Valores absolutos extremos do escore Z_i, para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média e desvio padrão observados para o P365 foi de 240±46 kg. CONCEIÇÃO et. al, (2005) e FERRAZ FILHO et al., (2002), encontraram valores próximos para esta característica na raça Nelore Mocha no Sudoeste do Mato Grosso do Sul e no Brasil respectivamente, com valores de 244±35 kg 221±26 kg.

Obteve-se convergência a 5% (p>0,05) para todos os parâmetros de todos os modelos dentro de um intervalo entre 55.000 e 220.000 ciclos (Tabela 1). CARDOSO et al., (2011) usaram o teste Geweke e encontraram convergência média para o modelo animal padrão com (Z: 1,08 e p-valor: 0,2788), para o $MHNRHO_{2p}$ (Z: 2,15 e p-valor 0,0310), para o $MHNRHO_{1p}$ (Z: –1,68 e p-valor: 0,0913), para o $MHNRHE_{2p}$ (Z: –2,25 e p-valor 0,0238) e para o $MHNRHE_{1p}$ (Z: –0,92 e p-valor: 0,3545).

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos.

Parâmetros	Teste Geweke	Modelos				
		ANIMAL	$MHNRHO_{2P}$	$MHNRHO_{1P}$	$MHNRHE_{2P}$	$MHNRHE_{1P}$
VC1	Z	-1,8942	1,9302	0,4264	-1,2893	-0,9876
	p-valor	0,0582	0,0545	0,6708	0,1974	0,3241
VC2	Z	0,2312	-0,5447	1,9495	-0,3997	0,0581
	p-valor	0,1232	0,5876	0,0510	0,6903	0,9532
VC3	Z	0,1774	-0,5370	-0,2881	-1,6533	-0,2711
	p-valor	0,2944	0,5912	0,7737	0,0980	0,7870
VC4	Z		-1,8155	-1,9596	1,2431	1,0810
	p-valor		0,0701	0,0562	0,2143	0,2808
VC5	Z		1,2901	-1,1033	1,5216	0,7532
	p-valor		0,1979	0,2703	0,1284	0,4516
VC6	Z				0,5298	-0,8754
	p-valor				0,5974	0,3824

VC1 - Variância do efeito de animal (MA)
VC2 - Variância do grupo de contemporâneo (MA e MHNRs)
VC3 - Correlação entre nível e inclinação da norma de reação (MHNRs)
VC4 - Variância da inclinação da norma de reação (MHNRs)
VC5 - Variância do erro residual (MA e MHNRs)
VC6 - Parâmetro de heterogeneidade residual (MHNRs)

Nos MHNRHO, todos os critérios de comparação de modelos indicaram que suposição de homogeneidade de variância residual foi melhor que a heterogeneidade. Os modelos de norma de reação apresentaram melhor ajuste aos dados quando comparados ao MA. Entre os MNR, o $MHNRHO_{1P}$ proporcionou ajuste superior aos dados, sendo o melhor modelo em dois dos três critérios estudados (DIC e FB). O $MHNRHO_{1P}$ foi inferior apenas para a CPO (Tabela 2).

Tabela 2 - Critério da *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da *deviance* (DIC) e a *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO)

Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	100867.53(5)	101501.93(4)	98828.5(5)
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico dois passos	99895.44(3)	101225.09(1)	97119.9(2)
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	98308.81(1)	101312.65(3)	96911.78(1)
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico dois passos	100380.02(4)	101255.87(2)	98080.55(3)
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	99523.81(2)	101699.61(5)	98832.5(4)

1, 2, 3, 4 e 5: indicam a classificação do melhor ajuste.

CARDOSO et al., 2007; CORRÊA et al., 2007; CARDOSO et al., 2011e MATTAR et al., 2011), utilizaram modelos de normas de reação com homogeneidade e heterogeneidade de variância residual para avaliar o ganho de peso padronizado pós desmama para as raças Angus, Devon, Hereford e Canchim, respectivamente. Nesses estudos, compararam os MHNR com o modelo animal e observaram que o ajuste para os MHNRHO foram superiores aos modelos MHNRHE.

Para o modelo $MHNRHO_{1p}$, as soluções do gradiente ambiental variaram de – 95 a 120kg, caracterizando níveis ambientais de baixo e alto nível de manejo. A estimativa da herdabilidade foi de 0,29±0,03 para o modelo animal (MA) (Figura 2). Esse valor é superior à estimativa do $MHNRHO_{1p}$ no nível ambiental baixo, e está acima à encontrada por CARDOSO et. al. (2004), CARDOSO et al., (2005a) e CORRÊA et al., (2009) para o ganho pós-desmama padronizado (GPD365) 0,19±0,02; 0,18±0,01 e 0,13±0,017, respectivamente. Salienta-se, que os dados nestes trabalhos, são de animais de raças Taurinas, criados na região Sul do Brasil.

Ao comparar os resultados via modelo animal do presente estudo, com aqueles obtidos por FERRAZ FILHOS, et al., (1998), através da metodologia dos quadrados mínimos para P365 da raça Nelore Mocha, observa-se valores superiores para a herdabilidade (0,38±0,10). Já GUNSKI, et al., (2001), utilizando máximo verossimilhança restrita, encontraram estimativa de herdabilidade bem próximas (0,31±0,09) para o Nelore Mocho.

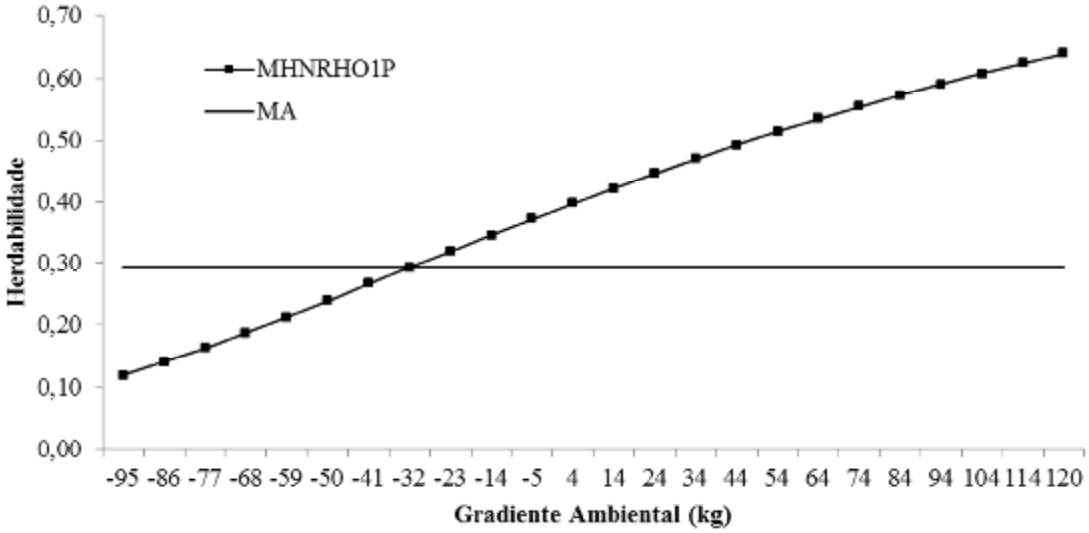


Figura 2 - Herdabilidades da característica P365 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

Foi caracterizado IGA com efeito de escala, principalmente nos níveis ambientais mais baixos, com as diferenças entre os valores genéticos dos animais acentuando-se nos ambientes de melhor manejo (Figura 3). Observou-se também IGA complexa para um número menor de reprodutores, com mudança de classificação dos animais pelos valores genéticos nos ambientes baixos, médios e altos. Os animais com maior valor genético médio foram os que mais responderam a melhora ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade e mais responsivos. CARDOSO et al., (2005a) obtiveram resultado semelhante para o ganho pós desmama de bovinos Angus no Rio Grande do Sul e KOLMODIN et al., (2002) que igualmente mostraram através normas de reação um efeito em escala para produção de proteína em bovinos nórdicos leiteiros.

MATTAR, et al., (2009) utilizaram uma escala que permitiu classificar os genótipo de acordo com as inclinações das normas de reação dos animais, estes autores encontraram variação de -0,40 a 0,50 graus e observaram maior incidência de genótipos robustos e intermediários (13.968 animais) com inclinações entre -0,2 e 0,2. No atual estudo as inclinações das normas de reação variaram de -0,80 a 0,67 graus o que mostra reprodutores mais plásticos, contudo, ocorrem maior incidência de genótipos robustos e intermediários em 80,96% dos animais (8.561 animais) com inclinações entre -0,20 e 0,20 graus. Genótipos plásticos (-0,80 a 0,19 graus e 0,19 a 0,67 graus) foram observados em 19,03% dos animais (2013 animais).

Observa-se, entretanto, (Figura 3), no ambiente favorável as diferenças genéticas entre os indivíduos aumentaram, mesmo que negativamente. Observou-se cruzamento entre as retas nos gradientes ambientais, indicando interação complexa com alteração na classificação dos animais nos diferentes ambientes. Este efeito foi mais evidente para os animais com valores genéticos negativos. Isto indica que a IGA deve ser considerada na avaliação genética dos bovinos Nelore Mocho do Nordeste brasileiro.

Os animais de maior valor genético responderam com maior intensidade à melhora ambiental, deixando caracterizado um efeito em escala e alteração na classificação. Pela norma de reação dos 10 reprodutores com maior número de filhos, que mesmo genótipos pouco plásticos, permitiram alterações no mérito genético dos animais ao longo do gradiente ambiental.

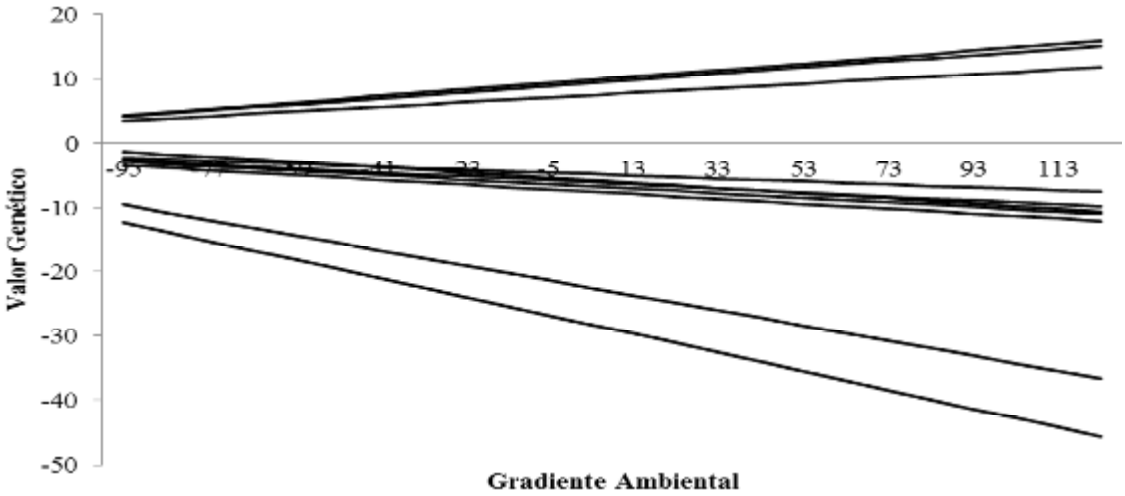


Figura 3 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maior valor genético variaram de 0,73 a 0,99 nos diferentes ambientes e modelos, quando somente 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos (acima da diagonal) e de 0,71 a 0,99, quando 10% dos reprodutores (abaixo da diagonal) foram selecionados, respectivamente. As menores correlações foram observadas na comparação do modelo animal com os modelos de normas de reação, confirmando a presença da interação genótipo ambiente, porém, não houve consideráveis mudanças na classificação quando comparado os nível do $MHNRHO_{1p}$. Observou-se pouca diferença quando foram considerados nos 5% melhores reprodutores em relação aos 10% melhores (Tabela 3).

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	**MA**	**$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)**	**$MHNRHO_{1p}$ (Médio)**	**$MHNRHO_{1p}$ (Alto)**
MA		0,80 (0,0010)	0,73 (0,0065)	0,74 (0,0058)
$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)	0,76 (0,0001)		0,95 (0,0001)	0,93 (0,0001)
$MHNRHO_{1p}$ (Médio)	0,71 (0,0001)	0,96 (0,0001)		0,99 (0,0001)
$MHNRHO_{1p}$ (Alto)	0,69 (0,0001)	0,95 (0,0001)	0,99 (0,0001)	

Entre parênteses p-valor

Quando considerados apenas 5% dos melhores reprodutores, a maior diferença de ordenamento foi entre o MA e o nível médio da MHNR (0,73), seguida da correlação entre MA e o nível alto do MHNR (0,74) e da correlação entre MA e o nível baixo do MHNR (0,80). Estes valores indicam mudança no ordenamento dos animais em relação ao MA. Quando considerados os 10% melhores reprodutores, observou-se que as correlações foram pouco inferiores, variando de 0,69 a 0,99. A maior diferença obtida foi entre o MA e o nível alto do

MHNR (0,69) e entre o MA e o nível médio do MHNR (0,71), que seriam as situações mais contrastantes, indicando moderada alteração no ranking.

Quando comparado o MNR nos níveis baixo, médio e alto considerando os melhores touros, não fica clara a IGA, mas quando se compara os 10 touros com maior número de progênies fica claro a presença na IGA, principalmente nos valores negativos.

CORRÊA et al (2007) obtiveram estimativas de correlações de Spearman inferiores, com valor de 0,12 a 0,98 para os 5% melhores reprodutores e superiores para os 10% dos reprodutores , com valor de 0,75 a 0,99 para o ganho pós desmama padronizado aos 365 dias (GPD365). De acordo com estes autores foi observada moderada a alta alteração na classificação dos reprodutores da raça Devon. Porém, as correlações são inferiores às encontradas por CARDOSO et al., (2005a), que obtiveram correlações variando entre 0,74 e 0,91, sinalizando para um efeito moderado da interação IGA na classificação do mérito genético dos animais. KOLMODIN et al., (2002) observam alteração na classificação de reprodutores leiteiros, demonstrando que, para os registros de baixa performance, a classificação teria benefícios se realizada em ambiente específico.

As correlações genéticas entre os valores genéticos e o gradiente ambiental (Figura 4) demonstraram pequena diferença entre as amplitudes das correlações genéticas para o $MHNRHO_{1P}$ (0,78 a 1,00). Para o modelo com dois passos, que foi o segundo melhor modelo do estudo, as correlações apresentaram maior variação (0,50 a 1,00), o que denota IGA. Os resultados aqui obtidos diferem dos apresentados por CORREÂ et al., (2009), em que observaram correlações genéticas negativas entre os níveis do gradiente ambiental para o ganho pós desmana padronizado aos 365 dias. Já MATTAR et al., (2011) observaram valores entre 0,24 a 1,00, caracterizando que os animais eram mais responsivos aos diferentes níveis do gradiente ambiental. Esses resultados indicam que a genética necessária para produção nos vários níveis ambientais é diferente, mesmo que parcialmente.

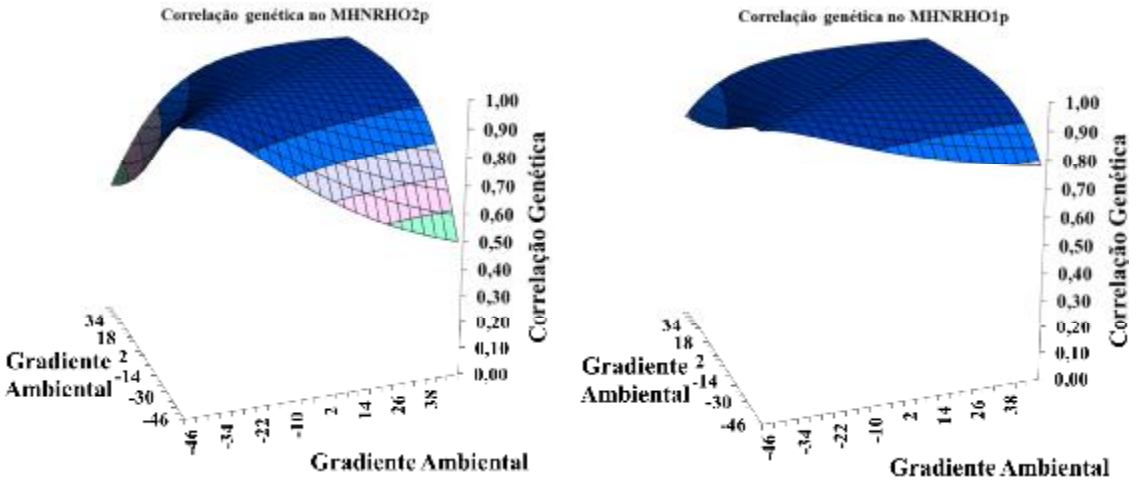


Figura 4- Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental.

A aplicação de modelos de normas de reação em estudo de IGA na raça Nelore Mocha do Nordeste é inédito e permitiu caracterizar a IGA para esta população. Observou-se, efeito de escala, com respostas diferencias dos genótipos frente ao gradiente ambiental e em menor intensidade alteração na classificação dos animais, especialmente para animais com valores genéticos negativos. As mudanças foram maiores nos ambientes de produção superiores, ou seja, à medida que o ambiente se torna mais favorável, aumenta a diferença entre os valores genéticos dos indivíduos, uma vez que os indivíduos têm condições para expressar todo seu potencial genético.

4. CONCLUSÕES

Foi caracterizada a IGA para o peso ajustado aos 365 dias nos animais da população Nelore Mocha do Nordeste do Brasil. O modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo, foi o modelo que melhor se ajustou aos dados. Observou efeitos em escala da IGA, e inversão na classificação dos reprodutores nos níveis do gradiente ambiental, comprovados pela magnitude das correlações de Spearman entre os reprodutores com maiores valores genéticos. As normas de reação mostraram-se ferramentas importantes na identificação e quantificação da IGA e sua utilização nos programas de melhoramento poderá aumentar a eficiência da seleção e levar a maior progresso genético para a raça.

5. REFERÊNCIAS

BROOKS, S. P.; ROBERTS, G. O. Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo. **Statistics and Computing**, v. 8, n. 4, p.319-335, Dec. 1998.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Embrapa Pecuária Sul. Bage, p.45. 2007a.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da Raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELLINO, R.A. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação "1". In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 42.º, 2005, Goiânia/GO. **Anais** ... Goiânia: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2005a.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005b.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos, SP. **Anais**... São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CARDOSO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F.F.; COBUCI, J.A,; BIASSUS, I.O.; BARCELLOS, J.O.J; BRITO, F.V.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós desmama de bovinos Hereford via normas de reação. In: REUNION LATINOAMERICANA DE PRODUCCION ANIMAL (ALPA), 20.; REUNION ANUAL DE LA ASOCIACION PERUANA DE PRODUCCION ANIMAL (APPA), 30.; CONGRESO INTERNACIONAL DE GANADERIA DE DOBLE PROPOSITO, 5., 2007, Cusco. [**Anais** Eletrônicos...], Cusco, 2007b. v.1.

CONCEIÇÃO, F.M.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; BRAGANÇA, V.L.C.; SOUZA, J.C. Fatores ambientais que influenciam o peso à desmama, ano e sobreano em bovinos da raça nelore mocha, no sudoeste de mato grosso do sul – Brasil. **Archives of Veterinary Science**. v. 10, n. 2, p. 157-165, 2005.

CORRÊA, M.B.B. Caracterização da interação genótipo ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória. 69f. **Tese** (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas. 2007.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de

bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

DE JONG, G. Quantitative genetics of reaction norms. **Journal of evolutionary biology**, v.3, p.447-468, 1990.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. American Naturalist, **University of Chicago**, USA, v. 145, n.4, p.493-512. 1995.

ESPASANDIN, A.C.; URIOSTE, J.I.; CAMPOS, L.T.; ALENCAR, M.M. Genotype × country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.40 n.3 Viçosa mar. 2011.

FERRAZ FILHO, P.B.; BIANCHINI SOBRINHO, E.; SILVA, L.O.C. ALENCAR, M.M.; SOUZA, J.C.. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos na raça Nelore mocha em três regiões Brasileiras. In: REUNIAO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais**... Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p.517-519.

FERRAZ FILHO, P. B.; SILVA, L.O.C.; ALENCAR, M.M.; SOBRINHO, E. B.; SOUZA, J.C. Tendência genética em pesos de bovinos da raça nelore mocha no Brasil. **Arquivos de ciências Veterinárias e Zootecnia**. UNIPAR, Umuarama, v.5, n. 1, p. 009-013, jan/jun.2002.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 526p, 1992.

GUNSKI, R.J.; GARNERO, A. V.; REYES, A. B.; BEZERRA, L. A. F.; LOBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. **Ciência Rural**, v. 31, n. 4, p. 603-607, 2001.

HEIDELBERGER, P. e WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, 31, 1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia**, Section A, Animal Science, v.52, p.11–24, 2002.

KOLMODIN, R. Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding. Uppsala, Suécia, 35p. **Tese** (Doutorado em Animal Breeding and Genetics) - Swedish University of Agricultural Sciences 2003.

MASCIOLI, A.S. et al., 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.

MATTAR, M.; C.; CARDOSO, F. F.; ALENCAR, M. M. Plasticidade fenotípica e heterogeneidade de variância para o peso ao sobreano de bovinos Canchim via norma de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 46.º, 2009, Maringa/PR. **Anais** ... Maringa: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2009.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**, 2011.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R foundation for statistical computing. URL http://www.R-project.org, 2008.

RAFTERY, A E., LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistic Science**, v.7, p 493-497, 1993.

ROSO, V.M.; SHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brasil August 13-18, **communication** no 27-26 p., 2006.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2002.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program** (BOA) version 1.1.7.2 User's manual. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S,; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R., JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

CAPITULO 3 - RESUMO

AMBROSINI, Diego Pagung. **Inferência bayesiana utilizada na estimação das normas de reação do peso aos 550 dias na raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil**/ Diego Pagung Ambrosini – Itapetinga – BA: UESB/Mestrado em Zootecnia, cap. 3, 2012.

O objetivo deste estudo foi investigar a presença da interação genótipos ambientes (IGA) para o peso ajustado aos 550 dias de idade (P550) na raça Nelore Mocha no Nordeste do Brasil usando modelos de norma de reação (MNR). Os modelos hierárquicos de NR incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático) e aleatórios de grupo de contemporâneo (CG) e genético aditivo. O critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB) mostrou que o modelo de NR com variância residual homogênea e um passo ($MHNRHO_{1p}$) proporcionou melhor ajuste aos dados quando comparado aos modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA). As soluções do gradiente ambiental no modelo escolhido baseado nos efeitos do GC variaram de -135 a 153 kg. As estimativas de variância genética aditiva e herdabilidade aumentaram com a melhora do gradiente ambiental de baixo para o alto (48,72±16,38 kg^2 a 1719,89±134,37 kg^2 e 0,05±0,01 a 0,66±0,02, respectivamente). A alta correlação (0,97±0,01) entre o intercepto e a inclinação da NR mostra que os animais com maiores valores genéticos respondem melhor a melhoria do ambiente, caracterizando a IGA para o P550 dias, com efeito de escala. Na avaliação dos valores genéticos dos melhores reprodutores nos diferentes ambientes pela correlação de Spearman, observaram-se variações entre 0,11 e 0,99, apontando alta reclassificação, especialmente entre valores genéticos obtidos pelo modelo animal em comparação com os obtidos pelo $MHNRHO_{1p}$ nos ambientes superiores. Os resultados permitiram caracterizar a IGA e demostraram a necessidade de se ter avaliações específicas para ambientes de baixo, médio e alto nível de produção.

Palavras-chave: regressão aleatória, valor genético, zebuínos

CHAPTER 3 – ABSTRACT

AMBROSINI, Diego Pagung**. Bayesian inference used in the estimation of reaction norms of the weight at 550 days old in Polled Nelore breeds in Northeast Brazil**/ Diego Pagung Ambrosini **–** Itapetinga – BA: UESB/ Zootechny Graduation Program, cap. 3, 2012.

The objective of this study was to investigate the presence of genotype environment interaction (GEI) for adjusted weight at 550 days (W550) in Polled Nelore breeds in northeastern Brazil using of reaction norm models (RNM). The reaction norms hierarchical models (RNHM) included the fixed effect of age of dam (linear and quadratic) and random contemporary group (CG) and additive genetic. The criterion of deviance based on Bayes factors (BF) showed that the RN model with homogeneous residual variance and a step ($MHNR_{1p}Hm$) provided the best fit to the data compared to models with heterogeneous residual variance and standard animal model (AM). The solutions of the environmental gradient in the model chosen based on the effects of GC varied from -135 to 153 kg. The estimates additive genetic variance and heritability increased with the improvement of the environmental gradient from low to high (48.72±16.38 kg^2 to 1719.89±134.37 kg^2 and 0.05±0.01 to 0.66±0.02, respectively). The high correlation (0.97 ± 0.01) between the intercept and slope of RN shows that animals with greater breeding value respond best to improve the environment, characterizing the GEI for the W550 days with scale effect. In the evaluation of breeding values of the best sires in different environments by Spearman correlation were observed variations between 0.11 and 0.99, indicating high reclassification, especially between breeding values obtained by the animal model compared with the ones obtained by $MHNR_{1p}Hm$ environments higher. The results allowed us to characterize the GEI and demonstrated the need to have specific evaluations for environments of low, medium and high level of production.

Keywords: random regression, genetic value, zebu cattle

1. INTRODUÇÃO

Interações entre genótipos e ambientes (IGA) ocorrem quando os genótipos respondem de forma diferenciada às mudanças nos ambientes (KOLMODIN et al., 2002), ou seja, é todo o repertório de vias alternativas de desenvolvimento e metabolismo que podem ocorrer nos portadores de um dado genótipo em todos os ambientes possíveis, favoráveis e desfavoráveis, naturais ou artificiais.

A inclusão da IGA nos modelos estatístico ainda tem sido desconsiderada nas avaliações genéticas rotineira do Brasil. Com o aumento do uso da inseminação artificial, touros podem ser utilizados intensivamente em diferentes regiões, na maioria das vezes com diferenças marcantes de ambientes de produção, tornando importante a caracterização da interação genótipos ambientes (IGA). Uma alternativa para os estudo da IGA é a utilização de modelos de regressão aleatória (MRA), pois permitem ajustar uma trajetória aleatória para cada animal, assim permite que cada animal tenha uma forma diferente da trajetória de seus desempenhos em termos genéticos nos diferentes ambientes de produção (MERCADANTE et al., 2002).

GIANOLA e FERNANDO (1986) introduziram a metodologia Bayesiana no melhoramento genético animal, que consiste em descrever todos os erros que podem vir a existir a cerca de um determinado parâmetro. A implementação da inferência Bayesiana nos modelos de normas de reação para caracterizar e quantificar as IGA só foi possível pela introdução da metodologia de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), que representam uma família de processos iterativos que geram amostras de distribuições multivariadas e, neste sentido a amostragem de Gibbs é usada na estimação das distribuições conjunta e marginal de todos os parâmetros do modelo, por meio da reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov (BLASCO, 2001).

Estudos com IGA em Taurinos na Região Sul do Brasil (CORRÊA, 2007 e MATTAR, 2009) vêm se destacando por utilizarem a inferência Bayesiana como instrumento para caracterização e quantificação das normas de reação. Estes mesmo autores demostraram a importância da inclusão deste efeito em programas de avaliação genética, já que um reprodutor pode ter um desempenho em um dado estrato do gradiente ambiental, e um muito aquém do esperado em outro.

Estudos com raças Zebuínas são raros e no Nordeste do Brasil ainda não existem. Desta forma, objetivou-se com este estudo verificar a existência da interação genótipos ambientes e quantificar seu efeito para o peso ajustado aos 550 dias de idade de bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido utilizando-se registros de animais da raça Nelore Mocha nascidos entre 1975 e 2007 na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). De um banco de dados inicial com 35.221 registros, foram excluídos 21.955animais sem registros de peso, 123 desconectados, 248 com medidas fora do intervalo estabelecido de 150 kg (2,20 desvio padrão) e 280 kg (570 kg (8,38 desvio padrão), 171 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos, 566 reprodutores com menos que 5 progênies e 3.703 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 5 observações e com média de peso acima de + 3 desvios padrão. Assim, 8.455 foram utilizados para análises para do peso ajustado aos 550 dias de idade (P550).

Primeiramente, foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, usando rotinas criadas por CARDOSO (2007) em linguagem SAS (SAS, 2002). Em seguida, foi testada a conexão dos grupos de contemporâneos (GC), baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC (ROSO e SCHENKEL, 2006). Foi realizada leitura da saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados, para iniciar a análise genética sob modelo animal. A conectabilidade dos grupos de contemporâneos (GC) resultou em apenas um arquipélago (GC com maior número de laços genéticos e todos GC a ele conectados) com 8.455 animais em 731 GC e 123 animais em 20 GC desconectados. Para as análises foi utilizado somente o arquipélago principal.

Os GC foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar, fazenda e sexo. As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: maio, junho e julho; época 2: agosto, setembro e outubro; época 3: novembro, dezembro e janeiro; e época 4: fevereiro, março e abril).

O programa INTERGEN foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação.

O programa INTERGEN ajusta modelos hierárquicos de Bayes, ou seja, com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados, que contemplem a diversidade de situações comuns em dados de desempenho animal, sendo que, no caso dos modelos de normas de reação, o valor genético do animal é obtido por uma função do nível ambiental médio correspondente a solução do GC ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental há

um valor genético específico de cada animal (CARDOSO, 2008). No estudo atual os animais foram agrupados em três classes: -1 desvio padrão, zero e +1 desvio padrão (68 kg). O fluxograma (Figura 1) mostra a sequência das análises realizadas.

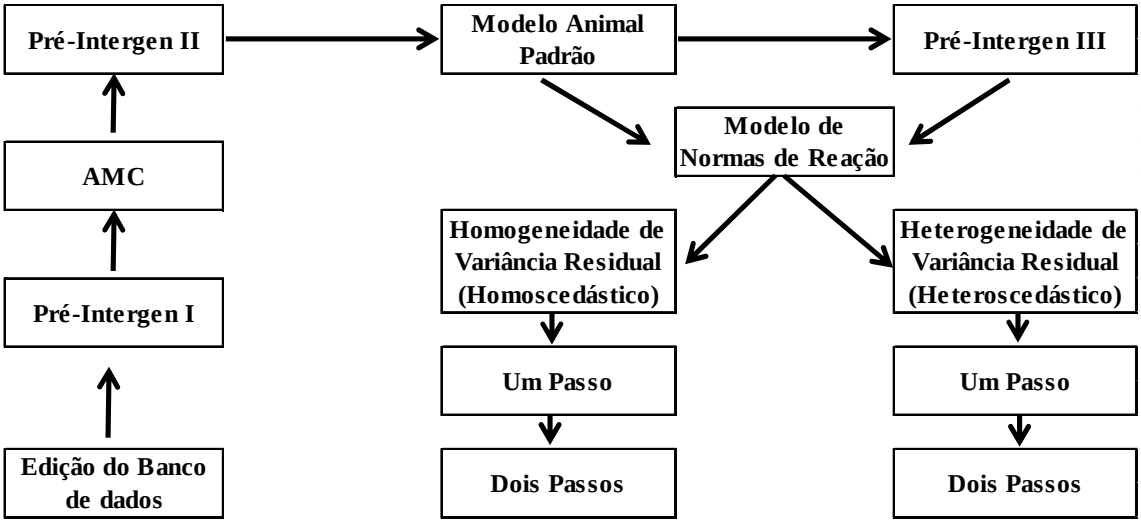


Figura 1 – Fluxograma demonstrando as etapas necessárias para a realização das análises.

Foi utilizado um modelo animal Padrão (MA), que ignora a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental, aos quais posteriormente foram usados como covariáveis nos modelos de normas de reação.

MA: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + e_{ij}$ (1)

em que; y_{ij}e o registro do animal i no ambiente j; β, um vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x_i' corresponde ao vetor de incidência; X_j, efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i, valor genético aditivo do animal i e, e_{ij}; erro residual;

Adicionalmente, duas metodologias foram estudas para descrever os modelos hierárquicos de norma de reação (modelo hierárquico norma de reação com dois passos - $MHNR_{2P}$ e modelo hierárquico norma de reação com um passo $MHNR_{1P}$).

O modelo proposto por KOLMODIN et al., (2002), ao qual, utiliza as soluções do MA como covariáveis no MHNR, é chamado, modelo hierárquico norma de reação com dois passos ($MHNR_{2P}$), e as equações são apresentadas a seguir:

$MHNR_{2P}$: $y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + b_i\hat{X}_j + e_{ij}$ (2)

em que; ϕ=coeficiente de regressão fixo; a_i=valor genético aditivo do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; b_i=coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação do animal i no ambiente representando por $\hat{X}_j$; $\hat{X}_j$=preditor de $X_j$obtido no (1) e e_{ij}= erro residual.

Além disso, utilizou-se a pressuposição de SU et al., (2006), chamada aqui de modelo hierárquico norma de reação um passo - $MHNR_{1P}$, no qual as estimativas os efeito ambientais

foram obtidas junto com a norma de reação dos animais, em que é X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo baixo:

MHNR$_{1P:}$ $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + b_iX_j + e_{ij}$ (3)

Duas diferenças pressuposições foram adotadas para a variância residual nos modelos: (a) homocedasticidade para MA, MHNR$_{2P}$ (MHNRHO$_{1P}$) e MHNR$_{1P}$ (MHNRHO$_{2P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heteroscedasticidade para os modelos MHNR$_{2P}$ (MHNRHE$_{2P}$) e MHNR$_{1P}$ (MHNRHE$_{1P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

A variância genética aditiva no ambiente X, $\sigma_A^2|X$, foi obtido por:

$\sigma_A^2|X = \text{var}\,(a_i + b_i\text{X}) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{ab}x$.

A herdabiliadde foi estimada pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + {}_e^2|X}$$

em que: σ_e^2 = variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2\hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico simplificado e σ_e^2 no modelo homoscedástico, no qual η = variância do parâmetro de heterogeneidade no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por CARDOSO et al., (2005b).

As estimativas dos parâmetros foram obtidas usando-se uma abordagem bayesiana, por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), adotando o seguinte procedimento: a) Rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) utilizando o arquivo resposta *''varcompsam'*, e o pacote do programa R(R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesiam Output Analysis - BOA (SMITH, 2007), aplicou-se o teste RAFTERY e LEWIS (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de HEIDELBERGER e WELCH (1983).

Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 55.000 e 220.000 ciclos. Médias, desvios-padrão e percentis (0,025 e 0,975) a posteriori dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais obtidas pelo Procedim*ento KDE* do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002).

O ajuste dos diferentes modelos (MA, MHNRHO$_{1P}$, MHNRHO$_{2P}$**,** MHNRHE$_{2P}$ e MHNRHE$_{1P}$) aos dados foram avaliados através de três critérios: *Critério de Informação da Deviance* (DIC), *Deviance baseada nos Fatores de Bayes* (BF) *e Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional* – (CPO).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de GEWEKE (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo

da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p\left(\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i\right)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por BROOKS e ROBERTS (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{\left(\overline{l}_i^{\,A} - \overline{l}_i^{\,B}\right)}{\sqrt{\frac{1}{n_A}\hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B}\hat{S}_i^B(0)}},$$

em que $\overline{l}_i^{\,A} = \frac{1}{n_A}\sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$, $\overline{l}_i^{\,B} = \frac{1}{n_B}\sum_{j=n^*}^{m} l_i^{(j)}$, n_A= 22.000, n_B= 110.000, n^*= 110.001, e com $\hat{S}_i^A(0)$ e $\hat{S}_i^B(0)$, sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtida pelo Procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002), para os primeiros n_A e últimos n_B ciclos da cadeia MCMC de comprimento m. Valores absolutos extremos do escore Z_i, para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média e desvio padrão observados para o P550 foi de 316±68 kg. CONCEIÇÃO et. al, (2005) e SANTOS et al., (2005), encontraram valores próximos para esta característica na raça Nelore Mocha no Sudoeste do Mato Grosso do Sul e na Bahia respectivamente, com valores de 327±47 kg 321±23 kg.

Obteve-se convergência a 5% (p>0,05) para todos os parâmetros de todos os modelos dentro de um intervalo entre 55.000 e 220.000 ciclos (Tabela 1). CARDOSO et al., (2011) usaram o teste Geweke e encontraram convergência média para o modelo animal padrão com (Z: 1,08 e p-valor: 0,2788), para o $MHNRHO_{2p}$ (Z: 2,15 e p-valor 0,0310), para o $MHNRHO_{1p}$ (Z: –1,68 e p-valor: 0,0913), para o $MHNRHE_{2p}$ (Z: –2,25 e p-valor 0,0238) e para o $MHNRHE_{1p}$ (Z: –0,92 e p-valor: 0,3545).

Tabela 1 - Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos.

Parâmetros	Teste Geweke	Modelos				
		ANIMAL	$MHNRHO_{2p}$	$MHNRHO_{1p}$	$MHNRHE_{2p}$	$MHNRHE_{1p}$
VC1	Z	-1,5738	-0,1582	-1,9120	-0,3995	-1,6277
	p-valor	0,1155	0,8743	0,0559	0,6895	0,1036
VC2	Z	0,4648	-1,1597	-0,5336	0,4669	-1,0375
	p-valor	0,6420	0,3308	0,5936	0,3683	0,3256
VC3	Z	1,7255	-0,9899	1,5510	-0,5053	-1,1955
	p-valor	0,0844	0,3222	0,1209	0,6133	0,2319
VC4	Z		-0,1915	1,4746	-0,4356	-0,2487
	p-valor		0,8481	0,1334	0,6631	0,8036
VC5	Z		0,1935	-0,0153	-1,5558	1,9223
	p-valor		0,8465	0,9878	0,0506	0,0546
VC6	Z				0,5049	1,1912
	p-valor				0,6136	0,2336

VC1 - Variância do efeito de animal (MA)
VC2 - Variância do grupo de contemporâneo (MA e MHNR)
VC3 - Correlação entre nível e inclinação da norma de reação (MHNR)
VC4 - Variância da inclinação da norma de reação (MHNR)
VC5 - Variância do erro residual (MA e MHNR)
VC6 - Parâmetro de heterogeneidade residual (MHNR)

Nos MHNRHO, todos os critérios de comparação de modelos indicaram que suposição de homogeneidade de variância residual foi melhor que a heterogeneidade, confirmada pela deviance baseada na ordenada preditiva condicional, em que o melhor modelo também foi com homogeneidade, porém no modelo dois passos (Tabela 2).

De acordo com os critérios propostos para comparação dos modelos, os de norma de reação (MNR) apresentaram melhor ajuste aos dados quando comparados ao MA. Entre os MNR, o $MHNRHO_{1P}$ proporcionou ajuste superior aos dados, sendo o melhor modelo no FB e obtendo a segunda colocação nos outros dois critérios (DIC E CPO) (Tabela 2).

Tabela 2 - Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).

Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	85664.73(5)	86026.83(5)	84401.13(5)
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico dois passos	84674.64(3)	85600.42(1)	82631.65(3)
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	83243.20(2)	85667.42(2)	82175.05(1)
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico dois passos	85109.88(4)	85696.22(3)	83573.59(4)
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	83084.69(1)	85773.87(4)	82454.08(2)

1, 2, 3, 4 e 5: indicam a classificação do melhor ajuste.

Para o modelo $MHNRHO_{1p}$, as soluções do gradiente ambiental variaram de – 135 a 153kg, caracterizando os níveis ambientais de baixo e alto nível de manejo. A estimativa da herdabilidade foi de 0,22±0,036 para o modelo animal (MA) (Figura 2). Esse valor é superior à estimativa do $MHNRHO_{1p}$ em nível ambiental baixo, e está acima à encontrada por CARDOSO et. al. (2004); CARDOSO et al., (2005a); CARDOSO et al., (2011) e CORRÊA et al., (2009) para o ganho pós-desmama padronizado para os 345 dias (0,19±0,02; 0,18±0,01; 0,13±0,017 e 0,10±0,001 respectivamente). Salienta-se, que os dados nestes trabalhos, são de animais de raças Taurinas, criados na região Sul do Brasil.

Ao comparar os resultados via modelo animal do presente estudo, com aqueles obtidos por SOUZA, et al., (2011), através da metodologia da máxima verossimilhança restrita para P550 da raça Nelore Mocha, observa-se valores inferiores para a herdabilidade (0,09±0,02). Já FERRAZ FILHOS, et al., (2002), através da mesma metodologia, obtiveram herdabilidade mais próximas às deste trabalho (0,15±0,02) para o Nelore Mocho.

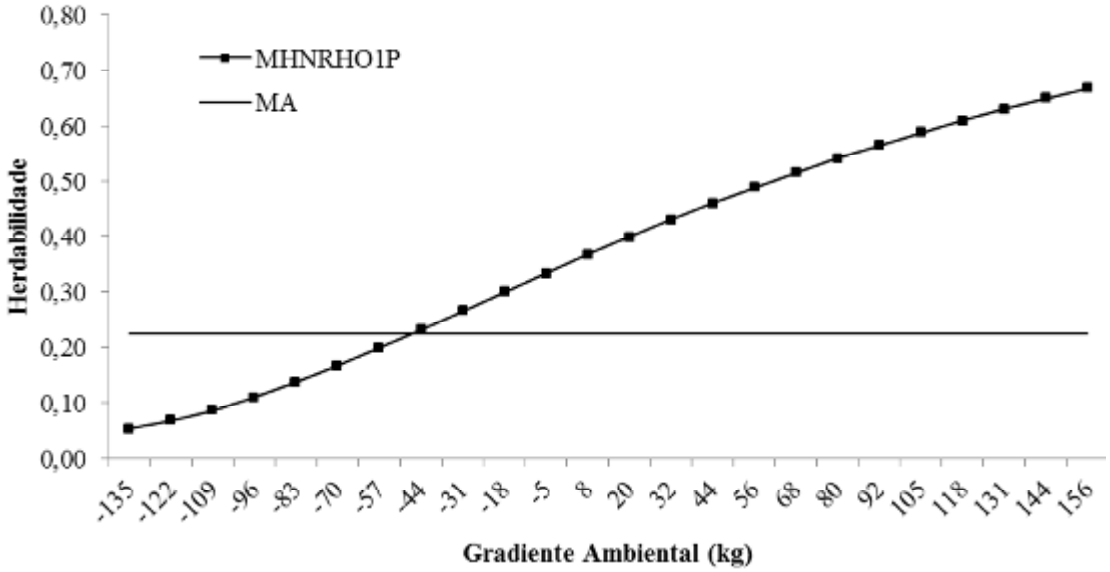


Figura 2 - Herdabilidades da característica P550 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

Foi caracterizado IGA com efeito de escala, em todos os níveis ambientais, com as diferenças entre os valores genéticos dos animais acentuando-se nos ambientes de melhor manejo (Figura 3). Observaram-se também IGA complexa com mudança de classificação de animais pelos valores genéticos nos ambientes baixos, médios e altos. Os animais com maior valor genético foram os que mais responderam a melhoria ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade e mais responsivos. CARDOSO et al., (2005a) obtiveram resultado semelhante para o ganho pós desmama de bovinos Angus no Rio Grande do Sul e KOLMODIN et al., (2002) que igualmente mostraram através das normas de reação um efeito em escala para produção de proteína em bovinos nórdicos leiteiros.

Observou-se cruzamento entre as retas nos gradientes ambientais, indicando interação complexa com alteração na classificação dos animais nos diferentes ambientes (Figura 3). Isto indica que a IGA deve ser considerada na avaliação genética dos bovinos Nelore Mocho do Nordeste brasileiro.

MATTAR, et al., (2009) utilizaram uma escala que permitiu classificar os genótipo de acordo com as inclinações das normas de reação dos animais. Estes autores encontraram variação de -0,40 a 0,50 graus e observaram maior incidência de genótipos robustos e intermediários (13.968 animais) com inclinações entre -0,2 e 0,2. No atual estudo as inclinações das normas de reação variaram de -0,88 a 0,74 graus o que mostra reprodutores mais plásticos, contudo, ocorrem maior incidência de genótipos robustos e intermediários em 81,04% dos animais (6.852 animais) com inclinações entre -0,20 e 0,20 graus. Genótipos plásticos (-0,88 a 0,19 graus e 0,19 a 0,74 graus) foram observados em 18,96% dos animais (1603 animais). Observou-se, entretanto, que no ambiente alto as diferenças genéticas entre os indivíduos aumentaram, provavelmente pelo fato dos animais expressarem seu potencial genético (Figura 3). Os animais de maior valor genético médio responderam com maior intensidade à melhora ambiental, deixando caracterizado a IGA com efeito em escala e de classificação.

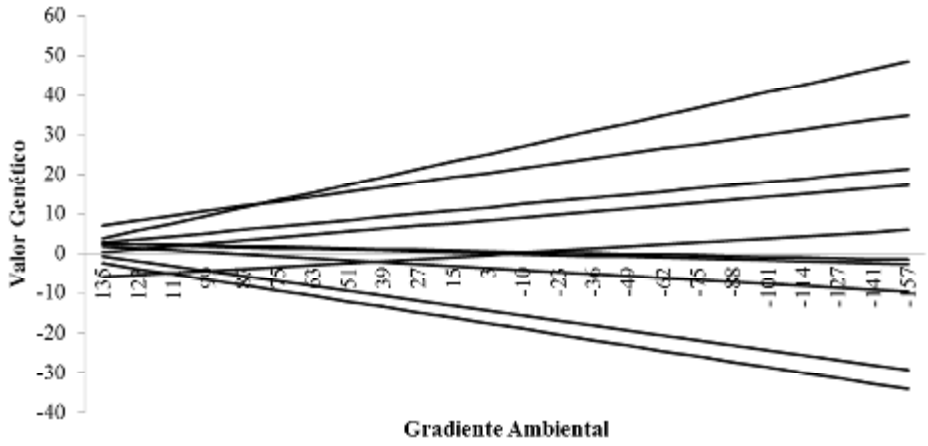


Figura 3 - Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P550 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maior valor genético pelos modelos nos níveis ambientais variaram de 0,11 a 0,96, quando somente 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos (acima da diagonal) e de 0,68 a 0,99, quando 10% dos reprodutores (abaixo da diagonal) foram selecionados, respectivamente (Tabela 3).

Tabela 3 - Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (5% acima da diagonal e 10% abaixo da diagonal), obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ($MHNRHO_{1p}$) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	**MA**		**$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)**		**$MHNRHO_{1p}$ (Médio)**		**$MHNRHO_{1p}$ (Alto)**	
MA			0,34	(0,2756)	0,11	(0,7514)	0,33	(0,2861)
$MHNRHO_{1p}$ (Baixo)	0,72	(0,0001)			0,45	(0,1377)	0,96	(0,0001)
$MHNRHO_{1p}$ (Médio)	0,70	(0,0004)	0,68	(0,0002)			0,29	(0,3541)
$MHNRHO_{1p}$ (Alto)	0,75	(0,0001)	0,99	(0,0001)	0,72	(0,0001)		

Entre parênteses p-valor

As maiorias das correlações foram de baixa a média, confirmando a presença da interação genótipo ambiente. Observou-se diferença acentuada quando considerados os 5% melhores reprodutores em relação aos (Tabela 3).

Quando considerados apenas 5% dos melhores reprodutores, a maior diferença de classificação obtida foi entre o MA e o nível baixo da MHNR (0,11), seguida da correlação entre MA e o nível alto da MHNR (0,33) e o MA e o nível médio da MHNR (0,34), demonstrando alta alteração na classificação. Quando considerados os 10% melhores reprodutores, observou-se que as correlações foram superiores, variando de 0,68 a 0,99. A maior diferença obtida foi entre nível baixo da MHNR e o nível médio do MHNR (0,68) e entre o MA e o nível baixo do MHNR (0,70), que seriam as situações mais contrastantes, indicando de baixa a média alteração no ranking. Isto indica que a seleção da forma que tem sido feita atualmente, e sem considerar a IGA, pode não ser a melhor estratégia para selecionar animais para serem utilizados em rebanhos de alta produção.

CORRÊA et al (2007) obtiveram estimativas de correlações de Spearman inferiores, com valor de 0,12 a 0,98 para os 5% melhores reprodutores e superiores para os 10% dos reprodutores , com valor de 0,75 a 0,99 para o ganho pós desmama padronizado aos 365 dias (GPD365). De acordo com estes autores foi observada moderada a alta alteração na classificação dos reprodutores da raça Devon. Porém, as correlações são inferiores às encontradas por CARDOSO et al., (2005a), que obtiveram correlações variando entre 0,74 e 0,91, sinalizando para um efeito moderado da interação IGA na classificação do mérito genético dos animais. KOLMODIN et al., (2002) observam alteração na classificação de reprodutores

leiteiros, demonstrando que, para os registros de baixa performance, a classificação teria benefícios se realizada em ambiente específico.

As correlações genéticas entre os valores genéticos e o gradiente ambiental (Figura 4) demonstraram moderada diferença entre as amplitudes das correlações genéticas para o $MHNRHO_{1P}$ (0,62 a 1,00). Para o modelo com dois passos, que foi o segundo melhor modelo do estudo, as correlações apresentaram maior variação (0,50 a 1,00), o que denota IGA. Os resultados aqui obtidos diferem dos apresentados por CORREÂ et al., (2009), em que observaram correlações genéticas negativas entre os níveis do gradiente ambiental para o ganho pós desmana padronizado aos 365 dias. Já MATTAR et al., (2011) observaram valores entre 0,24 a 1,00, caracterizando que os animais eram mais responsivos aos diferentes níveis do gradiente ambiental. Esses resultados indicam que o material genético necessário para produção nos vários níveis ambientais deve ser diferente, mesmo que parcialmente.

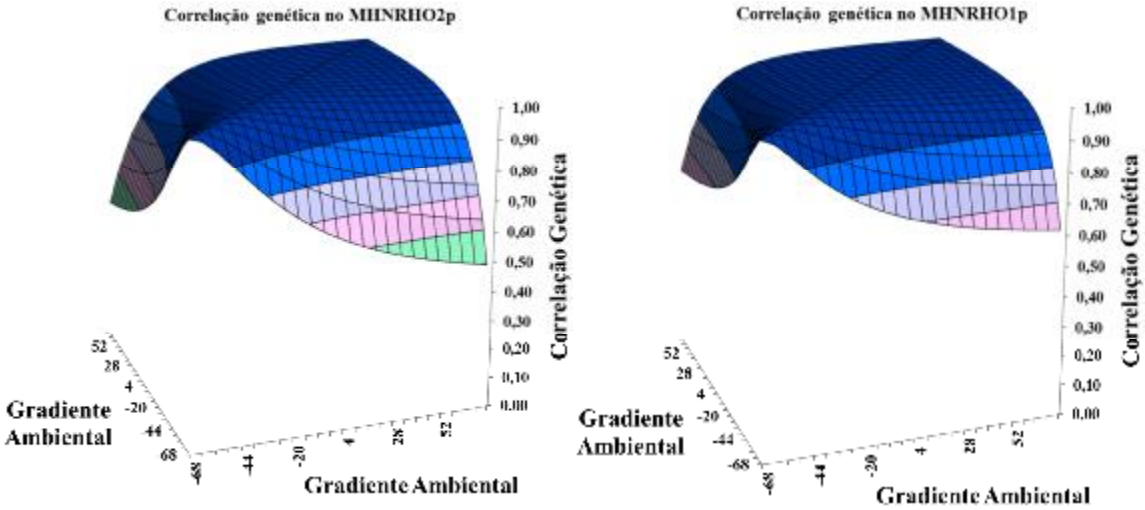


Figura 4 - Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental.

Os resultados para características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore Mocha (P550) apontam que os animais são bastante responsivos ao ambiente em que são criados, e a aplicação de modelos de normas de reação em estudo de IGA do Nordeste é inédito e permitiu caracterizar a IGA. Observou-se, efeito de escala, com respostas diferenciadas dos genótipos frente ao gradiente ambiental e alteração na classificação dos animais. As mudanças foram maiores nos ambientes de produção superiores, ou seja, à medida que o ambiente se torna mais favorável, aumenta a diferença entre os valores genéticos dos indivíduos, uma vez que os indivíduos têm condições para expressar todo seu potencial genético.

4. CONCLUSÕES

Ficou evidenciada a existência de interação genótipos ambientes na população de bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil. O modelo que melhor ajustou aos dados foi o modelo de normas de reação com variância residual homogênea e um passo. Observou efeito escala da interação genótipos ambientes e inversão na classificação nos níveis do gradiente ambiental, comprovados pela magnitude das correlações de Spearman entre os reprodutores com maiores valores genéticos, ficando explícita uma alteração na classificação dos reprodutores de moderada a alta magnitude.

5. REFERÊNCIAS

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Embrapa Pecuária Sul. Bage, p.45. 2007.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de(co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da Raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELLINO, R.A. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação "1". In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 42.º, 2005, Goiânia/GO. **Anais** ... Goiânia: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2005a.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005b.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CONCEIÇÃO, F.M.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; BRAGANÇA, V.L.C.; SOUZA, J.C. Fatores ambientais que influenciam o peso à desmama, ano e sobreano em bovinos da raça nelore mocha, no sudoeste de mato grosso do sul – Brasil. **Archives of Veterinary Science**. v. 10, n. 2, p. 157-165, 2005.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos, SP. **Anais**... São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CORRÊA, M.B.B. Caracterização da interação genótipo ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória. 69f. **Tese** (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas. 2007.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A.L. et al., Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v.8, n.1, p.75-86, 2007.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**.v.7, n.1, p.65-69, 2002.

GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). Bayesian statistics. New York: Oxford University, 526p, 1992.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, n.1, p.217-244, 1986.

HEIDELBERGER, P. e WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, 31, 1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia**, Section A, Animal Science, v.52, p.11–24, 2002.

MATTAR, M.; C.; CARDOSO, F. F.; ALENCAR, M. M. Plasticidade fenotípica e heterogeneidade de variância para o peso ao sobreano de bovinos Canchim via norma de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 46.º, 2009, Maringa/PR. **Anais** ... Maringa: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2009.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**,2011.

MERCADANTE, M. E. Z., PACKER, I. U., RAZOOK, A. G. et al., 2002. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II – Modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p. 1726 – 1733.

MULDER, H.A.; BIJMA, P. Effects of genotype X environment interaction on genetic gain in breeding programs. **Journal Animal Science** 83:49-61, 2005.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R foundation for statistical computing. URL http://www.R-project.org, 2008.

RAFTERY, A E., LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistic Science**, v.7, p 493-497, 1993.

ROSO, V.M.; SHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: 8th World Congress on Genetics Applied to **Livestock Production**. Belo Horizonte, MG, Brasil August 13-18, communication no 27-26 p., 2006.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; CUNHA, E.E.; SOUZA, J.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science.** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2002.

SMITH, B. J. Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 **User's manual**. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SORENSEN, D.A.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag New York, 2002. 740p.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; CUNHA, E.E.; SOUZA, J.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science.** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005.

SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A.; FREITAS, J.A.; MALHADO, C.H.M.;FILHO, P.B.F.; SERENO, J.R.B.; WEABER, R.L.; LAMBERSON, W.R. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados á pasto no brasil. **Archivos de zootecnia.** vol. 60, núm. 231, p. 465.2011.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S,; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R., JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.