



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

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X LOCAL X REGIME ALIMENTAR EM
BOVINOS NELORES EM MICRORREGIÕES NORDESTINAS POR
MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS DE TRÊS MODOS**

Ingryd Loiola Franco

2011



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

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X LOCAL X REGIME ALIMENTAR EM
BOVINOS NELORES EM MICRORREGIÕES NORDESTINAS POR
MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS DE TRÊS MODOS**

Ingryd Loiola Franco

**ITAPETINGA
BAHIA-BRASIL
2011**

INGRYD LOIOLA FRANCO

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X LOCAL X REGIME ALIMENTAR EM
BOVINOS NELORES EM MICRORREGIÕES NORDESTINAS POR
MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS DE TRÊS MODOS**

**Dissertação apresentada à Universidade
Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB),
como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de
Concentração em Produção de
Ruminantes, para obtenção do título de
“Mestre”.**

Orientador:

Prof. D.Sc Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador:

Prof. D.Sc Paulo L. S. Carneiro

636.082 Franco, Ingrid Loiola.
F895i Interação genótipo x local x regime alimentar em bovinos Nelore em microrregiões nordestinas por meio de componentes principais de três modos. / Ingrid Loiola Franco. – Itapetinga-BA: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, 2011.

42fl.

Dissertação apresentada como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – Área de concentração: Produção de Ruminantes. Sob a orientação do Prof. D. Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e coorientação do Prof. D. Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Bovinos Nelore - Melhoramento genético. 2. Bovinos Nelore - Avaliação genética. 3. Análise de agrupamento. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Mestrado em Zootecnia, *Campus* de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Título.

CDD (21): 636.082

Catálogo na Fonte:

Carolina A. Oliveira e Silva – CRB 2145-5ª Região
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bovinos - Estudos - Diversidade genética

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

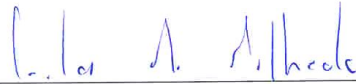
Título: "Interação genótipo x local x regime alimentar em Bovinos Nelore na Região Nordeste por meio de Componentes Principais de Três Modos".

Autor (a): Ingrid Loiola Franco

Orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador (a): Paulo Luiz Souza Carneiro

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



Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB
Orientador



Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB



Prof. Dr. Derval Gomes Pereira – UESB

Data de realização: 07 de outubro de 2011.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

INGRYD LOIOLA FRANCO, filha de Jorge Abílio Franco Coutinho e Edleuza Barros Loiola Franco, nasceu em Irecê-Ba, no dia 31 de maio de 1982.

Em 2002, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), finalizando o mesmo em 2008.

Em março de 2009, iniciou o curso de Pós-Graduação-Mestrado em Zootecnia pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia-UESB como bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes).

Em 07 de outubro de 2011, submeteu-se à banca examinadora para defesa da dissertação de mestrado.

Dedico este estudo aos meus pais – Jorge e Edleuza,, aos meus irmãos Ítalo e Ítina, e à pessoa que estará comigo ao longo da minha vida, Carlos Berhends.

– Não desejo nada, além do orgulho de vocês...

AGRADECIMENTOS ESPECIAIS

Agradeço primeiramente a *Deus*, pela vida, por estar sempre no meu caminho, iluminando e guiando as escolhas certas;

À minha mãe, *Edleuza Barros Loiola Franco*, por ser minha amiga, minha companheira, meu pilar de sustentação em momentos de angústia e por ser uma mãe maravilhosa e única;

Ao meu pai, *Jorge Abílio Franco Coutinho*, que com seu bom humor, seu afago, seus contos e seus apertos me fazia sentir única e amada. Por ser um pai presente e me dar sempre muito amor;

Ao meu amor, *Carlos Francisco Berhends Souza*, companheiro insubstituível desde a graduação, pela compreensão, pela sua paciência em momentos incompreensíveis, incentivo e amor em todos os momentos, peça essencial em minha vida e nesta conquista;

Aos meus irmãos, *Ítalo Jorge e Ítina*, pelo apoio incondicional durante toda essa caminhada árdua. Amo vocês!

À minha cunhada, *Shirley*, e meu sobrinho, *Raul Jorge*, por entenderem a minha ausência em momentos únicos, com muito carinho;

Ao *Prof. Dsc. Carlos Malhado*, orientador desta tese, que a idealizou e dela participou diretamente, demonstrando sua alta capacidade técnica como professor e pesquisador, além de um espírito humanístico que o qualifica como um ser humano especial;

Ao meu Co-orientador, *Prof. Dsc. Paulo Carneiro*, que com sua reconhecida capacidade como pesquisador muito contribuiu para meu aprendizado;

À minha tia, *Leleza, Netinho e Jean*, pelo companheirismo e alto astral em todos os momentos;

Aos meus tios, *Júnior e Sebastião*, pelo incentivo constante;

Aos meus queridos colegas, *Lívia, Vinicius, Laaina, Milena, Aracele e Manú*, pelo grande apoio e companheirismo;

A *todos os professores* que fazem parte do Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, pelos ensinamentos;

À *Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes)*, pela concessão de bolsa de estudo;

E a tantos outros que contribuíram de forma direta ou indireta na realização deste trabalho, o meu agradecimento.

Muito

obrigada

a

todos!

“Se você obedece todas as regras,, acaba perdendo a diversão.”

Bob Marley

SUMÁRIO

Resumo.....	10
Abstract.....	11
Lista de tabelas.....	12
1. Introdução.....	13
2. Referencial teórico.....	15
3. Material e métodos.....	24
4. Resultados e discussão.....	28
5. Conclusão.....	37

RESUMO

FRANCO, I. L. **Interação genótipo x local x regime alimentar em Bovinos Nelore em Microrregiões Nordestinas por meio de Componentes Principais de Três Modos.** Itapetinga-BA: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia- UESB, 2011.42p. (Dissertação – Mestrado em Zootecnia- Produção de Ruminantes) *.

O principal objetivo deste estudo foi aplicar componentes principais com múltiplas matrizes de dados para verificar a interação tripla genótipo x local x regime alimentar em touros com filhos em três diferentes regiões de produção e criados nos regimes alimentares a pasto ou com suplementação no Nordeste Brasileiro. As regiões estudadas foram o Maranhão (R1), Mata e o Agreste (R2) e o Recôncavo Baiano (R3). A característica analisada foi o valor genético do efeito direto para o peso aos 205 dias de idade. O efeito da interação genótipo ambiente foi analisado por meio da técnica de componentes principais de três modos (local x regime alimentar x genótipo), correlação entre os valores genéticos nas diferentes combinações regime x local e pela análise de agrupamento das combinações citadas. Não ficou evidenciado interação genótipo x local para a característica estudada, entretanto, constatou-se interação do genótipo x regime alimentar. Faz-se necessário ajustar os programas de avaliação genética em função da interação genótipo x regime, e o uso dos touros deve ser direcionado de acordo com o regime de criação de seus filhos.

Palavras-chave: múltiplas matrizes, análise de agrupamento, efeito ambiental, modelos *multiways*

*Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado, D. Sc. - UESB e Co-orientador: Paulo L. S. Carneiro, D. Sc. – UESB.

ABSTRACT

FRANCO, I. L. **Genotype x location x feeding interaction in Nelore cattle from Micro regions Northeastern by three-mode principal component analysis.** Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, 2011.42p. (Master's dissertation in zootechny – Ruminant Production) *.

The major objective of this study was to apply three-mode principal component analysis to verify the triple interaction genotype x location x feeding in sire with sons in three different regions of production and raised on pasture regime or with supplementation of northeastern Brazil. The regions studied were the Maranhão (R1), Mata and Agreste (R2) and Recôncavo Baiano (R3). The trait analyzed was the direct effect of the breeding value for weight at 205 days of age. The effect of interaction was analyzed by three-way principal components (location x regime x genotype), correlation between breeding values in the different location x regime combinations and by cluster analysis of the combinations mentioned. The results obtained by technical three-way principal component were confirmed by cluster analysis and the correlation coefficients of the breeding values in different environments. Was not evident genotype x location, however it was verified interaction genotype x location. It is necessary to adjust the genetic evaluation in function of the genotype x regime interaction and the use of sire should be directed according to the system raising of their sons.

Keywords: cluster analysis, environmental effect, multiple arrays, multiways models.

*Adviser: Carlos Henrique Mendes Malhado, D. Sc. – UESB and Co-adviser: Paulo L. S. Carneiro, D. Sc. – UESB.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

- Tabela 1.** Tipos possíveis de interação genótipo- ambiente.....16
- Tabela 2.** Componentes de variâncias e herdabilidade para as regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano) e regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação) para a característica peso aos 205 dias de idade, em bovinos da raça Nelore.....29
- Tabela 3.** Coeficientes de correlações de Pearson entre os valores genéticos dos 60 touros da raça Nelore para as combinações regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano) e regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação).....31
- Tabela 4.** Número do Touro, média dos valores genéticos para o regime a pasto (F1), regime com suplementação (F2), ranking dos touros para o regime a pasto e com suplementação, diferença de ranking e contribuição do touro (%) para a divergência de acordo com Singh (1981).....33

1. INTRODUÇÃO

A diversidade de climas e manejo no Brasil resulta em variação na produção dos rebanhos. Isso é acentuado no Nordeste, região que apresenta grande diversidade agroecológica expressa na existência de áreas úmidas, subúmidas, semiáridas e áridas, cujas precipitações anuais mínima e máxima variam, respectivamente, de 286 mm, em Cabeceiras (PB), a 4.253 mm, em Cândido Mendes (MA) (ARRUDA E SUGAI, 1994). Tais variações afetam a exploração de gado bovino, já que a diversidade de sistemas de exploração está, em grande parte, ligada às diferenças de fatores climáticos, econômicos, históricos e à disponibilidade de recursos naturais que influenciam a produção animal.

A interação genótipo x ambiente é de especial interesse, quando genótipos superiores em determinado ambiente podem não o ser em ambiente diferente. É óbvio, por exemplo, que raças bovinas de alta produção de leite, em climas temperados, não tenham a mesma produção em climas tropicais. Mas não é tão óbvio se menores diferenças nas condições ambientais também requerem raças adaptadas localmente, nem é intuitivamente óbvio quando do melhoramento alcançado em um ambiente será levado adiante, se a raça é transferida para outro ambiente (FALCONER E MACKAY, 1996). De acordo com esses autores, a presença de interação genótipo x ambiente (GxA) é caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, o que pode ocasionar alteração na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes.

No Brasil, alguns pesquisadores (ELER et al., 2000; SOUZA et al., 2003, TORAL et al., 2004, FRIDICHI et al., 2005, FRIDICHI et al., 2008, LOPES et al., 2008) fizeram estudos para avaliar a existência de interação genótipo x ambiente para características de crescimento em bovinos de corte, considerando o ambiente como a região ou local de criação. Alencar et al. (2005) analisaram a interação genótipo versus época de nascimento. Entretanto, esses estudos não abordaram a interação do genótipo com o regime alimentar e a literatura não relata estudos envolvendo a interação tripla genótipo x local x regime alimentar com bovinos. Isso é particularmente importante para o Brasil, notadamente a Região Nordeste, onde os rebanhos de elite são mantidos em condições ambientais e alimentares muito diferentes daquelas às quais estão submetidos os rebanhos comerciais.

O estudo da interação tripla genótipo x local x regime alimentar é possível com a análise de 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 performance de genótipos por ambientes e fazer predições a respeito da performance média de genótipos a ambientes específicos por meio de representação gráfica, nos chamados biplots (representação gráfica simultânea dos genótipos, regiões e regimes alimentares). Assim,

o objetivo deste estudo foi avaliar a interação tripla do genótipo com dois regimes alimentares em três microrregiões de criação da região Nordeste sobre o efeito genético do peso aos 205 dias de idade em Bovinos da raça Nelore por meio de análise de componentes de três modos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Interação Genótipo-Ambiente

Conceitos Gerais:

Estudos da interação genótipo x ambiente iniciaram-se por volta do século XX e, em geral, visavam estabelecer se a seleção deveria ser praticada no ambiente em que o animal seria criado ou em ambiente melhorado, para que pudesse expressar o máximo do seu potencial genético. Segundo Hammond (1947), para maior acurácia, a seleção deveria ser praticada em ambientes melhores, devido à maior expressão dos genes de interesse. Já de acordo com os estudiosos Lush (1964) e Falconer (1952), a seleção deve ser efetuada em condições ambientais similares as que se espera que os animais e suas progênes venham a produzir.

A interação genótipo x ambiente é um dos aspectos mais importantes na seleção de genótipos mais adaptados a determinados ambientes. E a mesma existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados ou quando um genótipo é melhor que os demais em um ambiente, e não o é em outro (FALCONER & MACKAY, 1996). Essa interação pode também provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, por consequência, pode resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (ALENCAR et al., 2005).

Segundo Hohenboken (1996), a interação pode ocorrer mesmo que os genótipos não mudem de classificação, sendo necessário apenas que a magnitude da diferença entre eles varie de um ambiente para outro, o que já poderia representar um efeito economicamente relevante.

Somente o potencial genético de um organismo indicará se ele se encontra melhor ou pior adaptado às mudanças do meio ambiente e isso depende da variabilidade genética da população. Baseando-se nestas considerações, percebe-se a possibilidade da existência de respostas diferenciadas dos genótipos ao meio, ou seja, a existência de interações genótipo-ambiente, que devem estar presentes, primeiro, a nível de indivíduo, podendo ser posteriormente a níveis de família, população, raça, dentre outros.

As melhores condições ambientes, notadamente alimentação, permitem avaliar de maneira mais eficiente e uniforme a capacidade de resposta dos animais. Pois, neste caso, as diferenças genéticas observadas entre eles permitirão a obtenção de estimativas mais seguras dos reais valores genéticos, pela minimização das influências de origem ambiente, sendo esta alternativa válida para características de alta herdabilidade (PEREIRA, 2008).

É comum em programas de avaliação genética incluir rebanhos de uma extensa área geográfica, com condições climáticas, nutricionais e de manejo muito diferentes. Assim, a

presença de interação genótipo-ambiente pode resultar em mudanças das diferenças de desempenho entre animais de um ambiente de produção a outro e, em situações extremas, pode resultar em mudança de posição dos genótipos entre os ambientes (REIS & LÔBO, 1991). Segundo Nobre et al.,(1987), as progênes de um mesmo reprodutor podem não repetir o desempenho dos pais, caso sejam criadas em microrregiões ou fazendas diferentes, evidenciando a necessidade de cuidados na aquisição de reprodutores ou sêmen, em razão da existência da interação genótipo-ambiente.

O fenótipo dos indivíduos é o resultado de seu genótipo, manifestado segundo o ambiente em que este indivíduo está exposto. Ambos, genótipo e ambiente, são importantes na expressão da maioria das características econômicas em bovinos de corte. Uma questão básica no melhoramento animal é se a seleção de indivíduos em determinado ambiente é válida para se atingir progresso genético em outro tipo de ambiente.

Com a utilização de inseminação artificial, touros podem produzir progênes em qualquer parte do mundo. Porém, se interações genótipo-ambiente afetam características importantes em gado de corte, torna-se difícil estimar, corretamente, o valor genético de touros para todos os ambientes. Para Buchanan & Nielsen (1979), a menos que um reprodutor tenha registros de progênie em muitos ambientes, efeitos de interações genótipo-ambiente poderão ser confundidos na estimativa do mérito genético.

Classificação da Interação Genótipo versus Ambiente

Em teoria, as interações genótipo-ambiente podem ser classificadas de acordo com a magnitude das diferenças entre genótipos e ambientes. Dumlop (1962) propôs 4 tipos de interações (Tabela 1).

Tabela 1. Tipos possíveis de interação genótipo- ambiente

<i>Tipo de interação</i>	<i>Diferenças genéticas</i>	<i>Diferenças ambientes</i>
I	pequenas	pequenas
II	grandes	pequenas
III	pequenas	grandes
IV	grandes	grandes

Fonte: Dumlop (1962)

A interação do tipo I verifica- se quando ocorre transferência de um grupo de indivíduos para um ambiente desfavorável, ocasionando relativa alteração na expressão de determinada característica.

A do tipo II ocorre quando diversas raças são criadas dentro de uma mesma área com pequenas diferenças ambientes. Nessa situação, a interação genótipo-ambiente é desprezível.

A interação do tipo III é aquela em que um grupo de reprodutores selecionados em condições ambientes extremamente favoráveis são distribuídos em ambientes contrastantes com aqueles nos quais foram escolhidos.

A interação do tipo IV é aquela que possibilita condições melhores para quantificar a magnitude das interações genótipo-ambiente.

Em realização de estudos, com o intuito de verificar a intensidade da interação genótipo-ambiente nas avaliações genéticas, deve-se ter cuidado com a base de dados utilizada. De acordo com Pégolo (2005), com um número reduzido de dados, os ambientes envolvidos na avaliação podem ser caracterizados mais adequadamente, podendo ser descritos mais especificamente para explicar a diversidade ou a similaridade das características comparadas nestes ambientes. Se o conjunto de dados é pequeno e restrito, as estimativas dos parâmetros genéticos serão menos precisas, gerando resultados locais e pouco confiáveis. Quando se trabalha com um volume de dados maior, aumenta-se a confiabilidade das análises. Por conseguinte, a definição dos ambientes onde se procura a interação também se torna ampla e difícil.

Existem diversas definições na literatura para interação genótipo-ambiente, entretanto, todas comparam o desempenho de dois ou mais genótipos em pelo menos dois ambientes diferentes (HALDANE, 1946; MCBRIDE, 1958; DUMLOP, 1962). Levando em conta a teoria de Haldane (1946) e a classificação (rank) dos genótipos em ambientes diferentes, a significância estatística do efeito da interação e os tipos diferentes de interação relatados por Van Vleck et al (1962; 1963), Pani (1971) propôs a classificação das interações em quatro tipos. No primeiro, apesar das diferenças entre os ambientes, o comportamento dos genótipos é similar e, neste caso, não há interação; no segundo, há uma pequena inversão na ordem de classificação (rank) dos genótipos nos ambientes diferentes, uma vez que neste caso há interação, porém, não-significativa; no terceiro, não há inversão na ordem de classificação (rank) dos genótipos, embora o desempenho desses genótipos apresente grandes diferenças nos ambientes diversos. Neste caso, a interação é considerada significativa; finalmente, no quarto tipo, observa-se importante inversão na ordem de classificação (rank) dos genótipos nos ambientes diferentes e a interação é considerada significativa.

Avaliação da Interação Genótipo x Ambiente

Correlação Genética entre características medidas em dois ou mais ambiente

De acordo com Briquet Jr (1967), correlação genética pode ser definida como a probabilidade que dois ou mais caracteres sejam afetados pelos mesmos genes. Essa ação pode resultar de “linkage” ou pleiotropia de um mesmo gene ou do fato de diferentes genes comuns influírem direta ou indiretamente sobre os caracteres em estudo.

Para a avaliação da interação genótipo-ambiente, Falconer (1952) considerou a característica a ser avaliada em diferentes ambientes como sendo diferentes características, e estimou a correlação genética entre as mesmas. De acordo com Robertson (1959), quando a correlação genética entre a característica medida em dois ambientes for maior ou igual a 0,8, considera-se que não há interação genótipo-ambiente, caso contrário, fica evidenciada a presença da interação genótipo-ambiente. Outra forma de se avaliar a presença de interação genótipo-ambiente seria formando *rankings* regionalizados de touros, com base em seus valores genéticos, e verificando a correlação de posição dos reprodutores nos diferentes ambientes (NOBRE et al. 1987, SILVA 1990, TORAL et al. 2004 e CARVALHO et al. 2008).

A soma de quadrados da interação genótipo-ambiente pode ser separada em dois componentes: um devido à heterogeneidade de variância genética entre os ambientes e outro devido à falta de correlação genética perfeita entre a mesma característica em dois ambientes diferentes (ROBERTSON, 1959). Interação genótipo-ambiente significativa pode ocorrer devido a um ou ambos os motivos. Heterogeneidade de variância genética causa mudança na escala (efeito de escala), mas não altera o *ranking* dos genótipos (LIN & TOGASHI, 2002). Por outro lado, correlação genética imperfeita e significativa pode resultar em reorganização da classificação dos genótipos e isso se torna uma preocupação no processo de seleção.

Resultados de pesquisas sobre os efeitos da interação genótipo-ambiente em gado de corte mostram que estes são importantes para a maioria das características reprodutivas e produtivas, além de serem muito variados. Segundo Euclides Filho (1984) isso se deve à natureza complexa da interação, salientando que algumas características são mais suscetíveis que outras às mudanças de meio e a magnitude das diferenças entre genótipos e ambientes são difíceis de quantificar.

A importância da interação genótipo-ambiente foi avaliada por Alencar et al (2005), que avaliaram a importância da interação genótipo-ambiente para características de peso na raça Canchim em animais nascidos em duas épocas do ano (primeiro e segundo semestre). A existência ou não da interação genótipo-ambiente foi avaliada pela correlação genética da mesma característica nos dois ambientes (época de nascimento) e pelo valor da correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros nos dois ambientes. Os resultados

demonstraram alterações nas variâncias genéticas e residuais em relação às épocas de nascimento. Houve mudança na classificação dos touros dentro de cada época de nascimento, quando eles foram ordenados por seus valores genéticos. Os coeficientes de herdabilidade estimados para cada época e todas as épocas em conjunto foram semelhantes, enquanto que as correlações genéticas variaram muito com a época do nascimento. Neste trabalho, houve evidências da interação genótipo x época de nascimento para os pesos a desmama e aos 12 meses de idade. Entretanto, observaram-se correlações genéticas altas para as características nos dois ambientes, respostas relativas altas em um ambiente, quando a seleção é baseada no outro ambiente, e pequenas mudanças na classificação dos touros nos dois ambientes.

Toral et al. (2004) estudaram o efeito da interação GxA sobre as características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados em três microrregiões homogêneas do estado do Mato Grosso do Sul (Alto Taquari, Campo Grande e Pantanal). Foram calculadas as correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos e de Spearman entre a classificação dos touros.

As correlações de Pearson e de Spearman, com base nos valores genéticos das características estudadas, foram baixas, evidenciando diferenças na expressão destas em função das regiões onde as progênes foram criadas. As correlações entre os valores genéticos e entre a classificação dos animais assumem grande importância, quando se considera que, em um programa de seleção, apenas os indivíduos com melhores valores genéticos são escolhidos para reprodução e, sendo os valores de correlação baixos, um touro escolhido com base em informações dos filhos criados em determinada região poderia não ser escolhido se avaliado pelas informações de seus filhos criados em outras regiões. Portanto, a existência da interação GxA implica na alteração da classificação dos animais e pode levar à escolha de touros inadequados para certas regiões e prejudicar o progresso genético dos rebanhos.

Deste modo, Toral et al. (2004) concluíram que existem evidências de interação GxA para os pesos indicadores de desenvolvimento ponderal de bovinos Nelore, havendo possibilidade dos animais selecionados com mérito genético superior para uma região não o serem para outras.

Com o objetivo de avaliar a interação GxA em características de desenvolvimento de bovinos de corte da raça Tabapuã e estimar seus componentes genéticos, Fridrich et al. (2003) compararam as correlações genéticas encontradas para as características de peso aos 205 (P205) e aos 365 (P365) dias, ambas consideradas características distintas nas regiões Sul (R1), Sudeste (R2), Centro-Oeste (R3) e Nordeste (R4) do Brasil. As correlações estimadas foram de 1,00 e 0,99 (R1/R2); 0,84 e 0,99 (R1/R3); -0,86 e -0,73 (R1/R4); 0,98 e 0,93 (R2/R3); 0,51 e 0,45 (R2/R4) e 1,00 e 0,12 (R3/R4). Esses resultados indicam que, na desmama (P205), o efeito da interação foi observado somente nas combinações envolvendo a região Nordeste (R4), e as regiões Sul (R1) e Sudeste (R2), já para pesos pós-desmama, o efeito dessa interação foi evidenciado em todas as combinações envolvendo a região Nordeste, sugerindo que uma

avaliação regional de touros seria mais apropriada para a obtenção do valor genético dos animais.

Facó et al. (2004) avaliaram a existência de interação GxA para o peso à desmama em animais da raça Nelore, criados na região Nordeste do Brasil, considerando como características diferentes os pesos à desmama nos regimes alimentares a pasto, semi-confinado e confinado, através da utilização de análises bicaracterísticas. A correlação genética direta entre o peso à desmama a pasto (PDP) e peso à desmama em semi-confinamento (PDSC) foi de apenas 0,67, e entre o PDP e o peso à desmama em confinamento PDC foi de 0,45, ambas indicando efeito de interação GxA. Ao contrário, entre PDSC e PDC não houve qualquer evidência de interação. Os resultados mostraram a existência da interação GxA para o peso a desmama entre o regime alimentar a pasto e os outros dois sistemas, sendo tal interação mais acentuada entre o regime confinado e a pasto para o efeito genético direto, ou seja, entre as condições ambientais mais contrastantes.

Componentes Principais de três modos

A técnica de componentes principais, segundo Cruz & Regazzi (1994), foi originalmente descrita por Pearson (1901) e posteriormente aplicada por Hotelling (1933) em diversas áreas da ciência. De acordo com Manly (1986), o uso desta técnica só foi acentuado quando houve disponibilidade de recursos na área computacional. O método consiste na transformação do conjunto original de variáveis em outro, os componentes principais (CP), de dimensões equivalentes, porém com a vantagem de que cada componente retém porcentagem da variância original e que as variâncias decrescem do primeiro ao último componente principal (MORRINSON, 1976).

De acordo com Roso e Fries (1995), o melhorista, muitas vezes, toma decisões de forma intuitiva, selecionando animais em função de determinada característica, negligenciando seus componentes e as ligações existentes entre estes.

Nesse contexto, a análise dos componentes principais pode revelar relações não-identificadas previamente, contribuindo para melhor interpretação dos dados (BAKER et al., 1988).

Através da análise de componentes principais, pode-se obter a matriz de variância e co-variância ou a matriz de correlação. Para Meyer (2006), os componentes principais de um grupo de k efeitos correlacionados são simplesmente um grupo de k variáveis com as funções lineares dos efeitos não correlacionados entre si e que conseguem explicar sucessivamente o máximo de variação entre os k efeitos. O principal componente representa o maior eixo de variação entre as observações no espaço multidimensional; o segundo principal componente mostra a menor

variação entre as observações (BAKER *et al.*, 1988; TIMM, 2002). Componentes principais é uma combinação linear de um conjunto de co-variáveis, que permitem identificar as variáveis que mais contribuem na avaliação.

Segundo Araújo *et al.* (2009), análise de componentes é um modelo fatorial no qual os fatores são baseados na variância total. Na análise de componentes, unidades (1s) são usadas na diagonal da matriz de correlação; esse procedimento implica computacionalmente que toda a variância é comum ou compartilhada. Análise de Componentes principais é um dos métodos multivariados mais simples. O objetivo da análise é tomar p variáveis $X_1; X_2; \dots; X_p$ e encontrar combinações destas para produzir índices $Z_1; Z_2; \dots; Z_p$ que sejam não correlacionados na ordem de sua importância, e que descreva a variação nos dados. A falta de correlação significa que os índices estão medindo diferentes "dimensões" dos dados, e a ordem é tal que $Var(Z_1), Var(Z_2), \dots, Var(Z_p)$, em que $Var(Z_1)$ denota a variância de (Z_1) . Os índices Z são, então, os componentes principais.

Para Chase *et al.* (2002), componente principal tem sido usado para obter o posto das estimativas da matriz de co-variância e obter também a decomposição dos seus vetores. Alternativamente, componente principal tem sido uma opção para se estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos, quando se estima novas variáveis. A melhor aproximação pode ser obtida estimando-os diretamente, e, ao mesmo tempo, restringindo-se aos mais importantes (KIRKPATRICK e MEYER, 2004).

Por outro lado, a escola anglo-saxônica se caracteriza por ajustar modelos que reproduzem os dados de uma maneira mais confiável quanto possível os dados originais. Nesse sentido, pode-se citar os métodos de Tucker ou Análise de Componentes Principais de Três Modos (KROONENBERG e DE LEEUW, 1980), baseados no modelo de Tucker (1966); o Candecomp/Parafac (CARROLL e CHANG, 1970; HARSHMAN, 1970), entre outros. Estes métodos oferecem marcadores para os níveis dos fatores ou modos, o que facilita a interpretação dos resultados em termos de apresentações Biplot..

O *Biplot* é uma representação gráfica em que as linhas e as colunas são apresentadas em um gráfico com duas ou três dimensões, e a construção do *biplot* é baseada na decomposição em valores singulares (DVS) da matriz de dados (GABRIEL, 1971). Sendo assim, para o caso da interação entre genótipos e ambientes, é possível representar num único gráfico esses efeitos, fazendo a DVS da matriz residual da interação genótipo-ambiente.

A Análise de Componentes Principais de três modos pode ser considerada como uma generalização da Análise de Componentes Principais clássico ao caso de várias matrizes de dados; mas exatamente pode considerar-se como uma generalização do conceito de decomposição em valores e vetores singulares para o caso de várias matrizes de dados.

Para trabalhar com múltiplas matrizes de dados, Tucker (1966) propõe um modelo, ou seja, para ajustar dados contidos num arranjo de ordem três. O modelo proposto contempla a redução de dimensionalidade nos três modos (modo linha, modo coluna e modo tubo).

$$X_{ijk} = \sum_{p=1}^{P_1} \sum_{q=1}^{Q_1} \sum_{r=1}^{R_1} g_{pqr} a_{ip} b_{jq} c_{kr} + e_{ijk} \quad (\text{modelo em posto reduzido}),$$

Em forma matricial:

$$\mathbf{X} = \mathbf{A} \mathbf{G} (\mathbf{C} \otimes \mathbf{B})' + \mathbf{E}$$

em que x_{ijk} corresponde ao valor observado na combinação de níveis ijk ; P_1 , Q_1 e R_1 representam o número de componentes principais retidos em cada modo, respectivamente; a_{ip} representa o valor do componente p do primeiro modo (linhas) na linha i ; b_{jq} representa o valor do componente q do segundo modo (colunas) na coluna j ; c_{kr} representa o valor do componente r do terceiro modo (tubo) no tubo k ; g_{pqr} é uma medida da relação entre o componente p do primeiro modo, o componente q do segundo modo e o componente r do terceiro modo e e_{ijk} representa o erro cometido na estimação do elemento x_{ijk} .

\otimes representa o produto de kronecker (é usado para multiplicar matrizes, em que o número de colunas da primeira matriz não tem que ser igual ao número de linhas da segunda matriz)

Exemplo: Sejam $A_{n \times p}$ e $B_{m \times t}$, então o produto de kronecker é definido como:

$$A \otimes B = \begin{bmatrix} a_{11} \mathbf{B} & a_{12} \mathbf{B} & \dots & a_{1p} \mathbf{B} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ a_{n1} \mathbf{B} & \cdot & \cdot & a_{np} \mathbf{B} \end{bmatrix}$$

Tucker (1966) propõe um método para estimar as matrizes \mathbf{A} , \mathbf{B} e \mathbf{C} do modelo; e o arranjo \mathbf{G} ; contudo, as soluções encontradas não são as estimativas de mínimos quadrados; ou seja, apesar de que para o modelo com posto completo consegue-se reproduzir o valor x_{ijk} , ao reter os primeiras componentes em cada modo, o ajuste produzido pelo modelo pode estar o suficientemente distante do verdadeiro valor de x_{ijk} , sendo considerado um mau ajuste.

Para resolver o problema na estimação das matrizes **A**, **B** e **C**, Kroonenberg e De Leeuw (1980) propõem um algoritmo (Tuckals3) baseado em procurar as estimativas para **A**, **B** e **C** de tal maneira que minimize a soma de quadrados residuais:

$$\sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J \sum_{k=1}^K (x_{ijk} - \hat{x}_{ijk})^2 = \sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J \sum_{k=1}^K (x_{ijk} - \sum_{p=1}^{P_1} \sum_{q=1}^{Q_1} \sum_{r=1}^{R_1} a_{ip} b_{jq} c_{kr} g_{pqr})^2$$

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados analisados são provenientes de rebanhos bovinos da raça Nelore nascidos entre 1978 e 2006, e incluídos no Controle de Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os dados sobre peso foram padronizados para os 205 dias de idade (P205).

O estado do Maranhão (Região de Produção 22, R1) está localizado no oeste da região Nordeste e tem como limites o Oceano Atlântico (N), o Piauí (L), Tocantins (S e SO) e o Pará (O); ocupa uma área de 331.983,293 km², sendo o 2º maior Estado em extensão do Nordeste; constitui uma nítida faixa de transição entre o clima equatorial úmido amazonense e o semiúmido nordestino. Ao caracterizar esta região sob o aspecto climático, constatam-se três tipos de clima, quais sejam: a oeste, o clima quente úmido tropical da zona equatorial com três meses secos; ao centro, o clima quente semiúmido tropical da zona equatorial com quatro a cinco meses secos; a leste, o clima semiárido tropical da zona equatorial com seis meses secos.

A Zona da Mata e Agreste (Região de produção 26, R2), embora com condições climáticas bem distintas, sabe-se que cerca de 90% do gado bovino existente nesta região pertence às áreas do agreste. Na região Zona da Mata, que se estende do estado do Rio Grande do Norte ao sul do estado da Bahia, numa faixa litorânea de até 200 km de largura, possui clima tropical úmido, com chuvas mais frequentes na época do outono e inverno, exceto no sul do estado da Bahia, onde se distribuem uniformemente por todo o ano. O solo dessa área é fértil e a vegetação natural é a mata atlântica, já praticamente extinta e substituída por lavouras de cana-de-açúcar, desde o início da colonização do país. Seu clima é do tipo quente, úmido e semiárido, mediterrâneo, com período de estiagem variando de três a cinco meses.

O Agreste é a área de transição entre a Zona da Mata e o Sertão, que se estende por uma vasta área dos estados brasileiros da Bahia, Sergipe, Alagoas, Pernambuco, Paraíba e Rio Grande do Norte. A área ocupada pelo Agreste situa-se numa estreita faixa, paralela à costa. É uma região úmida e cheia de brejos, e o sertão semiárido. Nesta subregião, os terrenos mais férteis são ocupados por minifúndios, onde predominam as culturas de subsistência e a pecuária leiteira. Possui como características principais solos profundos (latossolos e argissolos), com relevo extremamente variável, associados a solos rasos (litossolos), solos relativamente férteis, vegetação variável com predominância de vegetação caducifólia (decídua). É uma área sujeita a secas, cuja precipitação pluviométrica varia entre 300 e 1200 mm/ano, oscilando predominantemente entre 700 e 800 mm/ano. Possui solo essencialmente pedregoso, rios intermitentes (temporários), vegetação rala e tamanho pequeno (mirtáceas, combretáceas, leguminosas e cactáceas). Tecnicamente, o agreste junto ao sertão compõem o ecossistema

denominado caatinga. Por estar fora da região de influência litorânea, predominando no interior nordestino, está sujeita às estiagens cíclicas, de forma que boa parte da população aí existente depende essencialmente do regime de chuvas, que são irregulares, e rios temporários (ARRUDA & SUGAI, 1994).

O Recôncavo Baiano (região de produção 28, R3) é uma região que se destaca pela alta densidade bovina. O clima da região, embora do tipo quente, apresenta duas diferenciações, tendo na microrregião de Feira de Santana um marco de referência. A leste, classifica-se como mediterrâneo de úmido a semiúmido, e a oeste, como tropical, variando de úmido a semiárido. Apresenta vegetação original de Mata Atlântica com ligeiras incursões exemplares característicos de caatinga e até de cerrado. Os solos nos vales e regiões de foz dos rios Paraguaçu, Jaquiripe e Subaé são naturalmente rasos de boa drenagem, de média a alta fertilidade natural, com variações para arenoso de boa profundidade. Também presente na região o solo do tipo massapê, de alta fertilidade, que se origina do resultado dos processos pedogenéticos de rochas ígneas e meta-ígneas como o basalto, gabro, xisto verde e clorita-xisto.

Foram considerados dois regimes alimentares, exclusivamente a pasto (F1) e com suplementação (confinados ou não confinados) (F2), e realizadas análises tri-característica em cada regime alimentar. Os sessenta touros analisados possuíam filhos em todas as regiões e regimes alimentares.

Para obter as estimativas das variâncias e dos valores genéticos, empregou-se a metodologia da máxima verossimilhança restrita livre de derivada, por meio de modelos animais tri-característica, com uso do aplicativo Multiple Traits Derivative-Free Restrict Maximum Likelihood (BOLDMAN et al., 1995).

O modelo estatístico considerou os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (fazenda, sexo, estação e ano de nascimento do animal), de ambiente materno permanente, idade da vaca ao parto como co-variável (efeitos linear e quadrático) e o efeito aleatório genético direto, genético materno e de ambiente permanente da vaca. Grupos de contemporâneos contendo menos de três animais foram excluídos da análise.

Utilizou-se a correlação linear de Pearson para analisar a associação entre os valores genéticos dos touros nos diferentes locais e regimes alimentares por meio do software SAS (SAS, 2003).

O modelo linear para a interação de três modos é:

$$\bar{y}_{ijk} = \mu + \tau_i + \delta_j + \zeta_k + (\tau\delta)_{ij} + (\tau\zeta)_{ik} + (\delta\zeta)_{jk} + (\tau\delta\zeta)_{ijk} + \bar{e}_{ijk}$$
 em que, μ é a média geral de todos os genótipos, τ_i é o efeito aditivo do genótipo i-ésimo, δ_j é o efeito aditivo de ambiente j-ésimo, ζ_k é o efeito aditivo do regime alimentar k-ésimo, $(\tau\delta\zeta)_{ijk}$ é o efeito não aditivo do GEI do genótipo i-ésimo no ambiente j-ésimo, $(\tau\zeta)_{ik}$ é a interação GF do genótipo i-

ésimo no regime alimentar k-ésimo, $(\delta\zeta)_{ijk}$ é a interação GEF de 3 modos do genótipo i-ésimo no ambiente j-ésimo e no regime alimentar k-ésimo, e $\bar{\epsilon}_{ijk}$ é o erro médio.

O modelo proposto por TUCKER (1966) para a interação do modelo três modos é:

$$(\tau\delta\zeta)_{ijk} = Z_{ijk} = \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^Q \sum_{r=1}^R g_{pqr} a_{ip} b_{jq} c_{kr}$$

em que a_{ip} , b_{jq} , e c_{kr} são os elementos dos componentes principais das matrizes A, B e C, associados com cada modo, e g_{pqr} são os elementos dos 3 modos da matriz G, que fornece relações entre os principais componentes (primeira, segunda, terceira, etc) dos 3 modos, fornecendo a proporção da variabilidade que representam por cada combinação dos componentes dos 3 modos.

P é a classificação de $Z_{1;2;3}$, que contém os resíduos da interação tripla em que as linhas são o primeiro fator (genótipo) e as colunas são a combinação do segundo e terceiro fator (local e regime alimentar), portanto, $Z_{1;2;3}$ é de ordem $I \times JK$. Do mesmo modo que Q e R representam a classificação das matrizes $Z_{2;1;3}$ e $Z_{3;2;3}$ de ordem $J \times IK$ and $K \times IJ$, respectivamente. Como mencionado, a matriz \mathbf{G} representa uma matriz de 3 modos de ordem $P \times Q \times R$ com elementos indicando o relacionamento entre os componentes de cada modo, i.e. o elemento g_{pqr} mostra o relacionamento entre o componente p th do primeiro modo.

O valor de $(g_{pqr})^2$ indica a variabilidade explicada p combinação dos componentes. A matriz de três modos em \mathbf{G} pode ser considerada uma generalização da matriz diagonal dos autovalores obtidos a partir da decomposição em valores singulares de uma matriz de 2 modos. Tucker (1966) deu uma solução para as matrizes A, B e C do modelo. Uma vez que as diferenças entre o previsto e os valores observados (resíduos) não são minimizados, isso pode causar distorção e os valores da z_{ijk} , que são reproduzidas pela retenção de menos componentes (valores previstos) podem ser muito diferentes dos observados. Isso foi resolvido por kroonenberg and De Leeuw (1980), que propôs um procedimento de estimação por quadrados mínimos alternados para A, B e C, que minimiza os resíduos da soma dos quadrados (ou seja, resíduos de quadrados mínimos), tais que:

$$\sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J \sum_{k=1}^K (Z_{ijk} - \hat{Z}_{ijk})^2 = \sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J \sum_{k=1}^K \left(z_{ijk} - \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^Q \sum_{r=1}^R a_{ip} b_{jq} c_{kr} g_{pqr} \right)^2$$

As estimativas de A, B e C são derivadas a partir de três análises simultâneas dos componentes principais, utilizando, como solução inicial, os valores propostos por Tucker (1966).

Todas as rotinas para a análise dos componentes de três modos foram implementadas e analisadas utilizando o programa MATLAB.

A contribuição relativa de cada característica para a diversidade entre os genótipos foi obtida pela metodologia proposta por Singh (1981), utilizando o programa computacional

GENES (CRUZ, 2008). Os agrupamentos hierárquicos das seis combinações (R1F1, R2F1, R3F1, R1F2, R2F2, R3F2) foram obtidos pelos métodos de UPGMA 'Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average' (SNEATH & SOKAL 1973), utilizando a distância euclidiana média, como medida de dissimilaridade. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (r) (SOKAL e ROHLF, 1962). Foi utilizado o programa GENES para as análises de dissimilaridade e de correlação cofenética e o programa Statistical 7.0 para a análise de agrupamento.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os pesos médios observados para o regime alimentar exclusivo a pasto foram $177,88 \pm 32,32$ kg, $173,09 \pm 32,73$ kg e $170,37 \pm 31,47$ kg, para as regiões Maranhão, Mata e Agreste e Recôncavo Baiano, respectivamente. Na mesma ordem, os pesos observados para animais suplementados foram $227,99 \pm 43,97$ kg, $218,62 \pm 46,10$ kg e $217,61 \pm 41,54$ kg, respectivamente. Os resultados mostram que a região do Maranhão foi superior nos dois regimes alimentares. A região de produção do Maranhão, por estar localizada em uma zona de transição entre o clima equatorial úmido amazonense e o semiúmido nordestino, possui uma pequena vantagem comparativa em relação às demais regiões de produção nordestina (ARRUDA E SUGAI et al., 1994). Estudando animais da raça Nelore, criados exclusivamente a pasto, Malhado et al. (2009) observaram médias de $163,8 \pm 29,74$ e $167,0 \pm 34,5$ no sertão Nordestino e no estado da Bahia, respectivamente. Tal diferença encontrada entre as regiões deve-se ao fato de nos últimos cinco anos ter acontecido uma redução drástica do número de zebuínos registrados no Sertão, fato que reduziu também o número de nascimento de animais Nelore e o tamanho efetivo da raça na região. No início da década de 1980, também foi observada redução nesses números, provavelmente em razão da grande seca que assolou o Nordeste brasileiro no período 1979 a 1983, a maior dos últimos 40 anos (ARRUDA & SUGAI, 1994). Na década de 90 ocorreu um número maior de nascimentos da raça Nelore, período com maior número de matrizes e de maior tamanho efetivo.

As estimativas de variâncias (Tabela 2) estão dentro do intervalo encontrado na literatura (LÔBO et al., 2000, FERRAZ FILHO et al., 2002, MALHADO et al., 2009). Contudo, fica evidenciado a presença de heterogeneidade de variância entre algumas combinações região e regime alimentar. Os menores valores para os componentes de variância residual estimados para a região 3 (Recôncavo Baiano), independentemente do regime alimentar, indicam que as condições ambientais dentro desta região são mais homogêneas, facilitando a expressão das diferenças genéticas e, conseqüentemente, elevando os valores dos coeficientes de herdabilidade. Conforme revisão elaborada por Lôbo et al. (2000), utilizando 59 referências de bovinos de corte criados nos trópicos, a herdabilidade direta média é de 0,30.

Tabela 2. Componentes de variâncias e herdabilidades para as regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano) e regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação) para a característica peso aos 205 dias de idade, em bovinos da raça Nelore

Região	Pasto (F1)				Suplementação (F2)			
	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
R1	161,86	369,73	531,61	0,30	116,08	900,53	1016,61	0,11
R2	165,07	402,15	567,23	0,29	385,74	501,04	886,79	0,43
R3	348,75	233,37	582,13	0,60	308,62	347,42	656,04	0,47

As fontes de heterogeneidade de variância citadas na literatura são, de forma geral, nível de manejo e de produção (REKAYA et al., 2001; MARION et al., 2001, CAMPELO et al. 2003), rebanho (FERREIRA et al., 2001), época e/ou ano de nascimento (IBANEZ et al., 1996), sexo (RORIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995) região ou país (COSTA et al. 2000) e grupos genéticos (OLIVERA et al., 2001).

De forma geral, Martins et al. (2002) relatam que três situações de ocorrência de heterogeneidade de variância podem ser discriminadas. A primeira situação é aquela em que há apenas heterogeneidade de variância residual, indicando que a fonte de heterogeneidade não afeta as diferenças entre genótipos, porém, altera a magnitude dos resíduos. A segunda é aquela em que há apenas heterogeneidade de variância genética, indicando que a fonte de heterogeneidade de variância afeta a magnitude das diferenças entre os genótipos, mas não afeta a magnitude dos resíduos. A terceira, e encontrada neste artigo, é aquela em que há heterogeneidade de variância genética e residual, indicando que a fonte de heterogeneidade afeta tanto a magnitude das diferenças entre genótipos como dos resíduos. Segundo Carneiro Júnior et al. (2008), a heterogeneidade nos dois componentes é a que acarreta maior prejuízo no processo de estimação dos parâmetros genéticos.

De acordo com Martins (2002), a causa da heterogeneidade residual pode ser diferenças de padronização de manejo ou diferenças na precisão da coleta de dados. Enquanto as possíveis causas de heterogeneidade de variâncias genéticas podem ser atribuídas pela seleção ao longo das gerações, por cruzamentos, visando formação de novas populações, por diferenças na intensidade de seleção aplicada a cada rebanho ou pela interação genótipo x ambiente, sendo essas causas não excludentes.

A correlação linear de Pearson entre os valores genéticos dos touros encontra-se na Tabela 3. As correlações entre os valores genéticos dos touros nas três regiões com regime a pasto foram significativas ($P < 0.001$) e acima de 0.9. Já as correlações entre os regimes alimentares, independente da região, foram todas inferiores a 0.30. Valores significativos

($P < 0,001$) e iguais a 0,97 (R1F2 e R2F2), 0,70 (R1F2 e R3F2) e 0,64 (R2F2 e R3F2) foram encontrados para as três regiões no regime com suplementação. A interação genótipo versus ambiente só tem importância para a agropecuária se a correlação genética entre a mesma característica em diferentes ambientes for inferior a 0.8. Essa primeira análise já evidencia, principalmente, o efeito da interação genótipo versus ambiente entre os regimes alimentares. Lopes et al. (2008) relataram correlações genéticas iguais a $-0,04 \pm 0,07$ (Paraná e Rio Grande do Sul) e $0,79 \pm 0,08$ (Santa Catarina e Rio Grande do Sul) para a mesma característica e raça. Correlação genética baixa significa que os genes relacionados ao crescimento em um estado não são os mesmos genes responsáveis pela expressão desta característica no outro estado. Esses resultados indicam que a inclusão da região de nascimento no modelo de análise para avaliações genéticas aumenta a acurácia da predição do valor genético e sugerem que avaliações genéticas por estado talvez sejam mais eficientes para identificar animais geneticamente superiores.

O procedimento proposto por Timmerman e Kiers (2000) e utilizado por Varela et al. (2006) foi usado neste estudo para selecionar o número ótimo de componentes principais para cada modo (ou seja, valores P, Q e R). Os resultados indicam que o melhor modelo de ajuste fornece dois componentes para o modo de genótipos (matriz), dois componentes para o modo localização (matriz B) e dois componentes para o modo de sistema de alimentação (matriz C) (ou seja, $2 \times 2 \times 2$).

Tabela 3. Coeficientes de correlações de Pearson entre os valores genéticos dos 60 touros da raça Nelore para as combinações regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano) e regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação).

<i>Região/Regime Alimentar</i>	<i>R2F1</i>	<i>R3F1</i>	<i>R1F2</i>	<i>R2F2</i>	<i>R3F2</i>
R1F1	0,99***	0,92***	0,28*	0,27*	0,19 ^{ns}
R2F1	-	0,95***	0,29*	0,28*	0,22 ^{ns}
R3F1	-	-	0,31**	0,31**	0,30*
R1F2	-	-	-	0,97***	0,70***
R2F2	-	-	-	-	0,64***

ns: não significativo, * : $p < 0,05$, ** : $p < 0,01$ e *** : $p < 0,001$

Estes componentes explicaram 91,94% da variância total. Os dois componentes do modo genótipo, P1 e P2, explicou 61,88 e 30,07% da variância, respectivamente, os dois componentes, Q1 e Q2, no modo local descrito, explicou 87,05 e 4,90% da variância, respectivamente, e os dois componentes do sistema de alimentação, R1 e R2, explicou 60,10 e 31,85% da variância, respectivamente.

Com base neste resultado, plotou-se apenas os dois primeiros eixos no Biplot (Figura 3).

No Biplot, as distâncias entre indivíduos são interpretadas como dissimilaridades entre os mesmos, e interpreta-se o comprimento dos vetores que representam as variáveis em termos de variabilidade e os ângulos entre dois vetores em termos de suas correlações. A relação indivíduo-variável é analisada por meio da projeção dos pontos que representam os indivíduos sobre os vetores que representam as variáveis. Tomando-se como exemplo o touro 34, a sua projeção sobre o vetor que represente o regime com suplementação indica interação positiva, enquanto o vetor sobre o regime alimentar a pasto demonstra interação negativa.

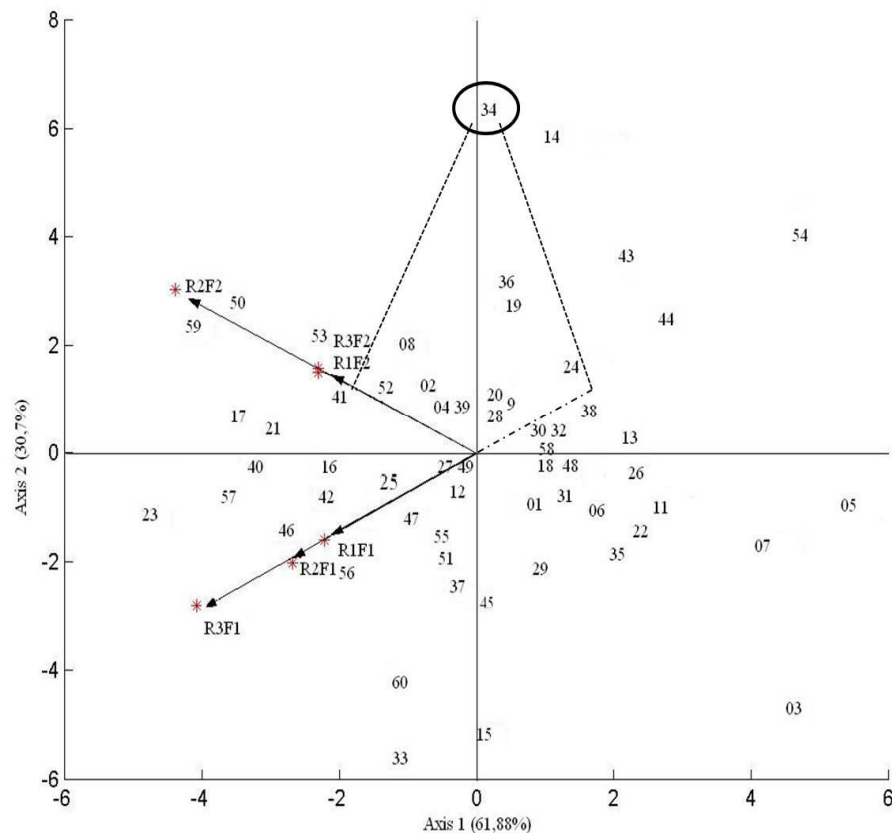


FIGURA 3. Biplot interativo para três regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano), dois regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação) de 60 touros da raça Nelore.

Primeiramente, pode-se notar no Biplot que o aspecto mais relevante da interação é que os vetores para cada regime alimentar possuem a mesma direção, indicando que os animais interagem em maior magnitude com o regime alimentar, possuindo comportamento similar em cada regime, independentemente da região de produção. Essa constatação é importante e sinaliza que os bovinos estudados possuem estabilidade nas diferenças edafoclimáticas dos três ambientes e a região de produção não interage com a característica estudada, assim, os animais com performances superiores ou inferiores a pasto ou com suplementação, o serão nas três regiões de produção.

Os animais 60, 15 e 33, interagem positivamente com o sistema a pasto, e negativamente com o regime com suplementação, fato corroborado com os valores genéticos destes animais nos dois regimes alimentares (Tabela 4). Já os touros 34 e 14 possuem comportamento inverso, interagindo positivamente com o sistema com suplementação e negativamente a pasto. Estes cinco animais citados são indicados apenas para um regime alimentar, visto que, no outro ambiente, seus valores genéticos são negativos.

Todos os touros entre os dois vetores (por exemplo, 40, 57, 17 e 21) possuem interação positiva nos três ambientes e nos dois regimes alimentares. Esses touros interagiram positivamente, com bom desempenho, em todos ambientes e/ou regime alimentar. Os reprodutores próximos à origem dos eixos (por exemplo, 49, 27, 12, 28, 9, 20 e 30) são ditos estáveis, possuindo comportamento previsível nos diferentes ambientes, isto é, não interage positivamente ou negativamente com nenhum local de produção ou regime alimentar.

Tabela 4. Número do Touro, média dos valores genéticos para o regime a pasto (F1), regime com suplementação (F2), ranking dos touros para o regime a pasto e com suplementação, diferença de ranking e contribuição do touro (%) para a divergência de acordo com Singh (1981).

Touro	VG F1	VG F2	Ranking F1	Ranking F2	Dif. Ranking	Cont. Diverg. (%)
34	-11,54	12,01	56	3	53	7,53
33	18,50	-7,14	2	52	50	7,53
15	13,38	-10,10	6	56	50	6,41
14	-15,55	6,72	59	14	45	5,67
60	15,23	-4,38	3	44	41	4,26
45	7,89	-5,08	17	47	30	1,95
36	-5,11	4,23	50	21	29	2,26
29	4,76	-8,10	24	53	29	2,07
19	-4,60	4,48	47	20	27	1,07
37	8,03	-3,17	15	42	27	1,89
43	-12,34	0,83	57	31	26	1,91
8	1,50	8,03	33	11	22	0,61
51	8,48	-2,31	14	36	22	1,29
24	-6,64	0,41	53	32	21	1,31
3	-0,84	-24,56	40	60	20	7,53
50	6,91	18,45	20	1	19	1,76

56	12,90	2,81	7	25	18	2,01
53	5,94	11,93	21	4	17	1,01
28	-0,99	2,11	42	26	16	0,12
55	7,32	-1,21	18	34	16	0,83
35	-0,57	-8,88	38	54	16	1,42
10	3,94	7,98	27	12	15	0,41
46	14,21	5,48	5	19	14	1,25
47	7,96	1,40	16	29	13	0,50
41	5,70	8,70	22	10	12	0,27
2	2,54	5,77	29	17	12	0,29
44	-10,74	-3,18	55	43	12	0,70
54	-21,57	-5,51	60	48	12	3,26
52	3,97	6,42	26	15	11	0,62
31	-0,24	-5,02	35	46	11	0,29
20	-0,16	3,04	34	24	10	0,32
9	-0,34	2,10	37	27	10	0,10
12	4,92	0,02	23	33	10	0,27
38	-5,19	-3,16	51	41	10	0,07
59	9,99	17,61	11	2	9	1,31
39	2,04	3,98	31	22	9	0,14
4	1,77	3,40	32	23	9	0,15
22	-2,69	-9,71	46	55	9	1,16
11	-4,63	-10,28	48	57	9	0,82
21	9,30	11,05	13	5	8	2,05
42	11,83	6,26	8	16	8	0,35
6	-1,51	-6,79	43	51	8	0,51
1	2,23	-2,66	30	37	7	0,46
30	-0,88	-2,29	41	35	6	0,03
23	19,30	10,82	1	6	5	2,95
57	15,18	9,44	4	9	5	1,01
49	4,17	1,26	25	30	5	0,10
32	-2,12	-3,14	44	39	5	0,05
7	-7,91	-15,80	54	58	4	1,81
13	-5,56	-6,47	52	49	3	0,04
40	11,75	10,47	9	7	2	1,00
17	11,49	10,01	10	8	2	3,17
18	-0,25	-3,05	36	38	2	0,12
16	9,58	6,91	12	13	1	0,18
25	7,04	5,62	19	18	1	1,92
58	-0,79	-3,15	39	40	1	0,24
26	-4,70	-6,59	49	50	1	1,24
5	-12,77	-17,61	58	59	1	1,84
27	3,64	1,52	28	28	0	0,12
48	-2,48	-4,69	45	45	0	0,20

O dendrograma, resultante da análise de agrupamento das seis combinações (região e regime alimentar), obtidos pelo método UPGMA, corrobora os resultados por três modos de componentes principais (Figura 4). O ponto de corte no dendrograma indica a formação de dois grupos, o primeiro formado pelos animais criados a pasto, o segundo com animais com suplementação. O coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de dissimilaridade e a matriz de agrupamento foi igual a 0,84, evidenciando a consistência do agrupamento (SOKAL e

ROHLF, 1962). Os touros que mais contribuíram para a divergência das combinações região-regime (SINGH, 1981) foram os animais 34 (7,54%), 33 (7,53%), 3 (7,53%), 15 (6,41%), 14 (5,67%) e 60 (4,26%). É importante destacar que todos estes animais possuem forte interação com o regime alimentar e, dessa forma, seu uso deve ser direcionado de acordo com o regime de criação de seus filhos. Destaca-se, com estes resultados, que o regime alimentar é o efeito ambiental mais importante para a interação genótipo-ambiente na raça Nelore no Nordeste, assim, as condições edafoclimáticas de cada região, apesar de influenciarem na produção de forragens, são menos importantes que a suplementação ou não dos animais. Já os touros com menores contribuições para a divergência são aqueles mais próximos do eixo a origem dos eixos.

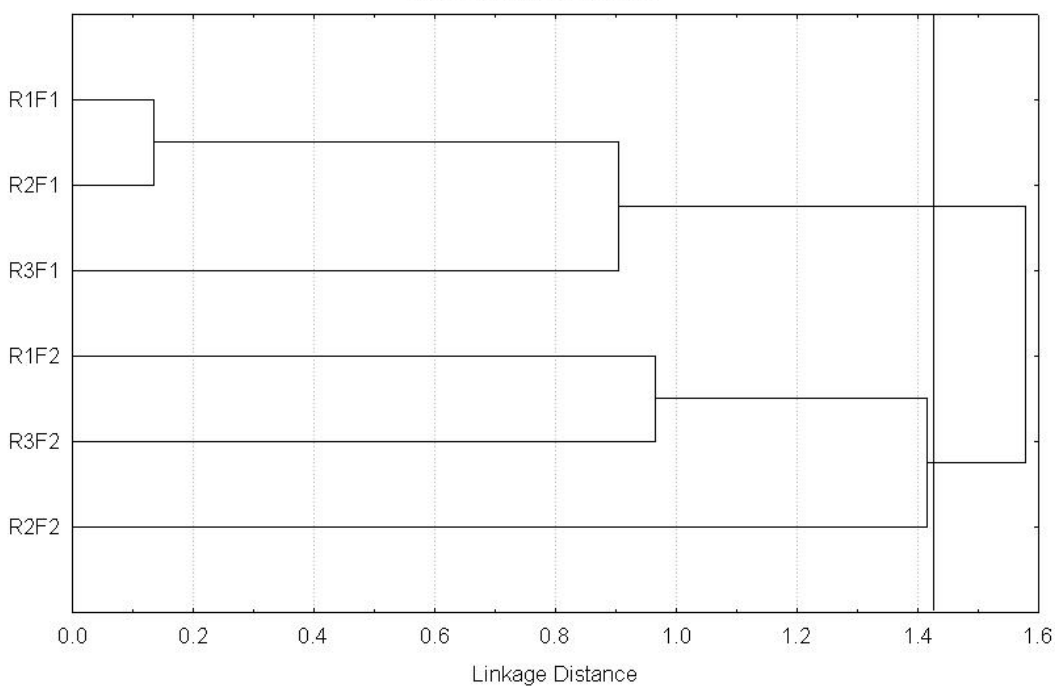


FIGURA 4. Dendrograma das seis combinações entre regiões (R1=Maranhão, R2=Mata e Agreste e R3=Recôncavo Baiano) e regimes alimentares (F1=pasto e F2=suplementação), baseados no valor genético de 60 touros, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando distância euclidiana como medida de dissimilaridade.

Os resultados obtidos levam-nos a refletir sobre um antigo dilema: devemos buscar selecionar animais a partir de seus desempenhos medidos em condições aprimoradas de ambiente, principalmente alimentação, para que os animais possam expressar seu potencial genético? Ou o mais adequado seria conduzirmos processos seletivos em condições mais semelhantes àquelas onde suas progênes serão criadas? Para Falconer e Mackay, (1996), uma característica mensurada em dois ambientes diferentes deve ser considerada não como uma, mas como duas características, isto porque os mecanismos fisiológicos nos dois ambientes são em

alguma extensão diferentes e, conseqüentemente, os genes requeridos para um elevado desempenho também são de certa forma diferente para os dois ambientes. Assumindo esta ideia como verdadeira, a seleção de animais em ambientes diferentes daqueles nos quais suas progênies irão produzir não seria uma escolha adequada. Isso é particularmente importante na região Nordeste, onde a maior parte da carne produzida é proveniente de sistema de produção a pasto, enquanto que grande parte dos rebanhos de elite são mantidos em condições ambientais muito diferentes daquelas aos quais estão submetidos os rebanhos comerciais.

Nesse sentido, Corrêa et al. (2007) frisaram que a interação genótipo-ambiente pode prejudicar o progresso genético das populações de bovinos de corte pelo uso inadequado de reprodutores. Segundo os autores, determinados genótipos podem vir a apresentar baixo desempenho, se utilizado em ambiente muito diferente ao que foi selecionado, devendo-se priorizar a utilização de material genético de animais que sejam verdadeiramente “superiores” nas condições específicas de criação.

5. CONCLUSÃO

Constatou-se interação do genótipo x regime alimentar por meio da técnica de componentes principais de três modos, resultado que foi corroborado por outras duas técnicas usuais (correlação genética e análise de agrupamento). Faz-se necessário ajustar os programas de avaliação genética em função da IGA e o uso dos touros deve ser direcionado, de acordo com o regime alimentar de criação de seus filhos.

6. REFERÊNCIAS

- ALENCAR, M.M., A.S. MASCIOLI E A.R. FREITAS. 2005. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **R. Bras. Zootec.** 34:489
- ARAÚJO, W. O. Análise de Componente Principais (PCA) Technical Report - RT-MSTMA_003-09 – Relatório Técnico Maio, 2009.
- ARRUDA, Z.J. de; SUGAI, Y. **Regionalização da pecuária bovina no Brasil.** Campo Grande: Embrapa-CNPGC; Brasília: Embrapa-SPI, 1994. 144p. (Embrapa-CNPGC. Documentos, 58).
- BAKER, J.F., STEWART, T.S., LONG, C.R. et al. 1988. Multiple regression and principal components analysis of puberty and growth in cattle. *J. Anim. Sci.*, 66(9):2147-2158.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A Manual for Use of MTDFREML; a Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances [DRAFT].** Lincoln, Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- BRIQUET JÚNIOR, R. *Melhoramento genético animal.* São Paulo: EDUSP, 1967.
- Brito, F.V.; Cardoso, V.; Carvalheiro, R.; Fries, L. A.; Peña C. D. O.; Piccoli, M. L.; Roso, V. M.; Schenkel, F. e Severo, J. L. P. **Interação genótipo-ambiente em bovinos de corte: aspectos técnicos e aplicabilidade,** 2007.
- BUCHANAN, D.S.; NIELSEN, M.K.. Sire by environment interactions in beef cattle field data. *J. Anim. Sci.*, v.48, p.307-312, 1979.
- 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., 2005, Goiânia. **Anais ...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005a. (CD-ROM).
- CAMPELO, J.E.G.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; SILVA, L.O.C.; EUCLYDES, R.F.; ARAÚJO, C.V.; PEREIRA, C.S. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.55, n.6, p.685-693, 2003
- CARNEIRO JÚNIOR, J.M.; ASSIS, G.M.L.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. Estimativa de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e freqüentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. **R. Bras. Zootec.**, v.36, n.5, p.1539-1548, 2007 (supl.)
- CARROLL, J.D; CHANG, J.J. Analysis of individual differences in multidimensional scaling via an N-way generalization of “Eckart-Young” decomposition. **Psychometrika**, v.35, p.283-320, 1970.
- CARVALHO, F. M.; SILVA, L. O. C. ; ALENCAR, M. M. . Interação genótipo - ambiente para peso à desmama de bovinos da raça Canchim criados em três regiões no estado de São Paulo. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008 CD-ROM.
- CHASE, K., CARRIER, D.R., ADLER, F.R., JARVIK, T., OSTRANDER, E.A., LORENTZEN, T.D. and LARK, K.G. 2002. Genetic basis for systems of skeletal quantitative traits: principal component analysis of the canid skeleton. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 99: 9930-9935

- CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.A.; CARDOSO, F.F. Efeito da interação genótipo-ambiente na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira Agrociência**, v.13, p.153-159, 2007.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J. et al. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **J. Dairy Sci.** v.83, p.2963-2974, 2000.
- CRUZ, C. D. **Programa genes** (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2008.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 1.ed. Viçosa, MG: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390p.
- DUMLOP, A.A. Interaction between heredity and environment in the Australian Merino. I. Strain x location interactions in wool traits. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.13, p.503-531, 1962.
- ELER, J. P., Van VLECK, L. D., FERRAZ, J.B.S. et al... Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**. v. 73 p.3253-3258, 1995.
- ELER, J. P., FERRAZ, J.B.S., GOLDEN, B. L., et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre os efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista brasileira de Zootecnia**. v 29, n. 6, p. 1642-1648. 2000.
- EUCLIDES FILHO, K. Effects of genotype by environment interactions on beef cattle performance at two locations. 1984 96f.Tese Ph.D. Universidade da Florida, 1984.
- FACÓ, O.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C.H.M et al. 2004. Interação genótipo-ambiente para peso à desmama em animais da raça Nelore no Nordeste do Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 41., 2004, Campo Grande/MS. **Anais...** Campo Grande: Melhoramento Animal, 2004.CD-ROM.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v.86, p.293-298, 1952.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Harlow: Longman, 1996. 464p.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al. Tendência genética dos efeitos diretos e maternos sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.637-642, 2002.
- FERRAZ FILHO, P.B., SILVA, L.O.C., SOUZA, J.C. E MALHADO, C.H.M. 2006. Divergência genética de touros Nelores com sêmen. Disponível em Centrais de Inseminação no Brasil. In: 43 Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. **Anais...** SBZ. Joao Pessoa:SBZ. Viçosa. v. 1.
- FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G.; TORRES, R.A. Interação genótipo ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arq. Bras. Med. Vet.Zootec**.v.53, n.3, p.385-392, 2001.
- FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D. et al. Interação genótipo ambiente em algumas características de produção de bovinos de corte da raça Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003.

- FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; FRIDRICH, D; CORRÊA, G.S.S.; SILVA, L.O.C., SAKAGUTI, E.S.; FERREIRA, I.C., VALENTE, B.D. Interação genótipo × ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.663-672, 2005
- FRIDRICH, A.B.; SILVA, M.A.; VALENTE, B. D. ET al. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, p. 917-925, 2008.
- GABRIEL, K.R. The Biplot graphic display of matrices with applications to principal components analysis. **Biometrika**, v.58, p.453-467, 1971.
- HALDANE, J.B.S. 1946. The interaction of nature and nurture. *Ann. Eugenics*, 13: 197-205.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environment conditions. **Journal of Animal Science**, v.22, n.2, p.195-213, 1947.
- HARSHMAN, R.A. Foundations of the PARAFAC procedure: models and conditions for an “explanatory “multi-mode factor analysis. **UCLA Working Papers in Phonetics**, v.16: p.1-84, 1970.
- HOHENBOKEN, W.D. Genotype x environment interaction. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zotecnia, 1996. p.21-34.
- HOTELLING, H. Review of the triumph of mediocrity in business, by Horace Secrist. **Journal of American Statistical Association**, v.28, p.463-5, 1933.
- IBAÑEZ, M.A.; CARABAÑO, M.J.; FOULLEY, J.L. et al. Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: Sources of heterogeneity and genetic evaluation. **Livest. Prod. Sci.**, v.45, p. 137-147, 1996.
- KIRKPATRICK, M. and MEYER, K. 2004. Direct estimation of genetic principal components: Simplified analysis of complex phenotypes. *Genetics*, 168: 2295-2306.
- KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN, P. et al. 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.
- KROONENBERG, P.M; DE LEEUW, J. Principal component analysis of three-mode data by means of alternating least squares algorithms. **Psychometrika**, v. 45, p. 69–97, 1980.
- LIN, C.Y.; TOGASHI, K. Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. **Animal Science Journal**, v.73, n.1, p.3-11, 2002.
- LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, n.6, p.433-461, 2000.
- LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; BOLIGON, A.A.; COMIM, J.G.; DORNELLES, M.A. Efeito da interação genótipo ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.37, p.54-60, 2008.

- LUSH, J.L. *Melhoramento genético dos animais domésticos*. Rio de Janeiro, SEDEGRA. 1964. 570p.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.43, p.1163-1169, 2008.
- MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D.M.M.R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore puro de origem no sertão nordestino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.7, p.713-718, 2009.
- MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods**: a primer. London: Chapman & Hall, 1986. 159p.
- MARION, A.E.; RORATO, P.R.N.; FERREIRA, G.B. et al. Estudo da heterogeneidade de variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. **Rev.Bras.Zootec.**, v.30, n.6 (Suplemento), p.1995-2001, 2001.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia (2002), p.205-214.
- MASCIOLI, A.S., EL FARO, L., ALENCAR, M.M., FRIES, L.A. and BARBOSA, P.F. 2000. Genetic and phenotypic parameters and principal components analyses for body weight gains in Canchim cattle. *Braz. J. Anim. Sci.*, 29: 1654-1660.
- MATLAB. **The Language Technical Computing R2007a**. São Paulo. 2007
- MCBRIDE, C. The environment and animal breeding problems. **Animal Breeding Abstract**, v.26, n.4, p.349-358, 1958.
- MEYER, K. 2006. To have your steak and eat it: genetic principal component analysis for beef cattle data. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...** SBMA. Belo Horizonte. Brazil. pp. 13-18. (CD-Rom).
- MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed. Singapore: McGraw Hill, 1976. 415p.
- NOBRE, P.R.C.; EUCLIDES FILHO, K.; ROSA, A.N. Repetibilidade e herdabilidade do peso ao nascer do gado Nelore por estação de nascimento. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.4, p.352-363, 1987.
- OLIVEIRA, J. A. **Avaliação genética de pesos e ganhos de pesos do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos da raça Guzerá**. 1987. 167 f. Tese (Livre Docência) – Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 1987.
- OLIVEIRA, C.A.L.; MARTINS, E.N.; FREITAS, A.R.; et al. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. **Rev.Bras. Zootec.**, v.30, n.4, p.1212-1219, 2001.
- PANI, S.N. **Genetic x environment interaction in sire evaluation**. Missouri: 1971. 138p.
- PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to system of point in space. **Philosophical Magazine**, v.2, n.6, p.550-572, 1901. Disponível em: <<http://pbil.univ-lyon1.fr/R/pearson190.pdf>>. Acesso em: 20/7/2011.
- PÉGOLO, N. T. **Interação genótipo x ambiente e sensibilidade ambiental em características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) –

- Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2005.
- PEREIRA, J. C. CAMPOS. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**, 5ª edição, 2008. 618p.
- REIS, J.C.; LÔBO, R.B. **Interações Genótipo-Ambiente nos Animais Domésticos**. Ribeirão Preto, 1991.194p.
- REKAYA, R.; WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. Application of a structural model for genetic covariances in international dairy sire evaluations. **J. Dairy Sci.** v.84, p.1525-1530, 2001.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, n.3, p.469-485, 1959.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA; Van VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Heterogeneity of variance by sire breed, sex and dam breed in 200 and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. **J.Anim, Sci.** v.73, p.2579-2588, 1995.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Componentes principais em bovinos da raça Polled Hereford à desmama e sobreano. **Revista da Sociedade Brasileira da Zootecnia**, v.24, n.5, p.728-735, 1995.
- SAS Institute, **SAS: user guide: versão 9.1**. Cary: SAS Institute, 2003.
- SILVA, L. O. C. **Tendência genética e interação genótipo x ambiente em rebanhos Nelore, criados a pasto no Brasil Central**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1990. 113f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1990.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic Plant Breeding**, New York, v.41, n.2, p.237-245, July. 1981.
- SNEATH, P.H.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.
- SOKAL, R.R. and ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11 p.33-40. 1962.
- SOUZA, J.C.; GADINI, C.H., SILVA, L.O.C. et al. Estimates of genetic parameters and evaluation of genotype x environment interaction for weaning weight in Nelore cattle. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.11, n.2, p.94-100, 2003.
- SOUZA, J.C., CAMPOS, L.T., FREITAS, J.A., WEABER, R. AND LAMBERSON, W.R. 2007b. Evaluation of growth traits of Brazilian Herefords using multivariate analysis. In: Annual Meeting of the American Society of Animal Science, 2007. San Antonio, TX. **Anais...** American Society of Animal Science. JAS. Champagnat.
- TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. Interação genótipo ambiente em cruzamentos de bovinos de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 41, 2004, Campo Grande. **Anais ...** Campo Grande: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2004.
- TIMM, N.H. 2002. Applied multivariate analysis. Springer-Verlag. New York.135p.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. et al. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

- SOUZA, J.C. 1997. Interação genótipo x ambiente sobre o peso ao desmame de zebuínos da raça Nelore no Brasil. Botucatu, 1997. 121p. Tese (Doutorado em Genética) - UNESP, Campus Botucatu.
- TIMMERMAN, M.E; KIERS, H.A.L. Three-mode principal components analysis. Choosing the numbers of components and sensitivity to local optima. **British Journal of Mathematical and Statistical Psychology**, v. **53**, p. 1–16, 2000.
- TUCKER, L.R. Some mathematical notes on three-mode factor analysis. **Psychometrika**, v.31,p. 279–311, 1966.
- Van VLECK, L.D. Genotype and environment in sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.46, p.983-989, 1963
- Van VLECK, L.D.; KING, S.C.; DOLITTLE, D.P. Sources of variations in the Cornell controls at two locations. **Poultry Science**, v.42, p.1114-1125, 1962
- VARELA, M.; CROSSA, J.; RANEC, J.; JOSHI, A.K.; TRETOWAN, R. Analysis of a three-way interaction including multi-attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 57, 1185–1193, 2006.