

**ANGELA BEATRIZ FRIDRICH**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS  
DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS DE  
BOVINOS NELORE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Minas Gerais como  
requisito parcial para obtenção do grau de Doutor (a) em  
Zootecnia.

Área: Melhoramento Animal.

Orientador: Prof. Dr. Martinho de Almeida e Silva

Belo Horizonte  
Escola de Veterinária - UFMG  
Março de 2007

3.1 F898i Fridrich, Angela Beatriz, 1977-

Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Nelore / Angela Beatriz Fridrich. – 2007.  
53 p. : il.

Orientador: Martinho de Almeida e Silva

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária

Inclui bibliografia

1. Nelore (Zebu) – Aspectos genéticos – Teses. 2. Nelore (Zebu) – Aspectos ambientais – Tese. 3. Nelore (Zebu) – Melhoramento genético – Teses.  
4. Verossimilhança (Estatística) – Teses. I. Silva, Martinho de Almeida e. II. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. III. Título.

**4 CDD – 636.082**

Tese defendida e aprovada em 12 de março de 2007  
pela Comissão Examinadora constituída por:

---

Prof. Dr. Martinho de Almeida e Silva  
(Orientador)

---

Dr. Luiz Otávio Campos da Silva

---

Prof. Dr. Robledo de Almeida Torres

---

Prof. Dr. José Aurélio Garcia Bergmann

---

Prof. Dr. Jonas Carlos Campos Pereira



Aos meus pais, Ary e Arlete, que tanto amo, por todo amor, compreensão, incentivo, amizade, pelo apoio durante toda a vida e, principalmente, por terem acreditado no meu potencial. Às minhas irmãs Margareth, Rosemari e Daniele, aos meus sobrinhos Lorena, Laura, Giovana, Alexandre e Pedro Henrique e a meus avós (†).

DEDICO

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por guiar sempre meus caminhos e me ajudar superar todos os obstáculos de minha vida.  
Aos meus pais pela pessoa que sou, por me ajudaram e incentivaram a concluir meus estudos e por todo amor.  
Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de estudos.  
Ao Prof. Dr. Martinho de Almeida e Silva que muito contribuiu para a realização desse trabalho, pela dedicada orientação, ensinamentos, estímulo, compreensão e principalmente por sua amizade, obrigada mestre e pai!  
A EMBRAPA Gado de Corte, pelo fornecimento dos dados para a realização desse trabalho.  
Aos professores do melhoramento (José Aurélio, Jonas, Fernando) por terem contribuído para meu aprendizado e principalmente pela amizade e dedicação.  
Aos meus “maninhos” e amigos, Isabel Cristina Ferreira, Gerusa Corrêa, Ricardo Ventura, José Ernandes, Hélio, Bruno, Denise Silva, Agnaldo, André Corrêa pelo apoio e por sempre estarem presentes quando precisei de um ombro amigo.  
Aos colegas Fabiano, Walsiara, Mitzem, Patrícia, Janaína, Leonília, Luciana, Sandro, Paulinha, Glaucyana, Rachel, Rafael, Vivian, Eduardo (“Little kit”), Juliano, Salete e todos os demais, pela amizade.  
A minha irmã Margareth, a meu cunhado e sobrinhas pela hospedaram de todos esses anos em suas casa.  
Ao Scooby-Doo (meu neném) que tanto me alegrou e me fez companhia nesse período tão difícil.  
A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização desse trabalho.

O Senhor é meu pastor.  
Nada me falta.  
Em verdes pastagens me faz repousar;  
para fontes tranqüilas me conduz,  
e restaura minhas forças.  
Ele me guia por bons caminhos,  
por causa do seu nome.  
Embora eu caminhe por mais um vale tenebroso,  
nenhum mal temerei, pois junto a mim estás;  
teu bastão e teu cajado me deixam tranqüilo.  
Diante de mim preparas a mesa,  
à frente dos meus opressores;  
unges minha cabeça com óleo,  
e minha taça transborda.  
Sim, felicidade e amor me acompanham  
todos os dias da minha vida.  
Minha morada é a casa do Senhor,  
por dias sem fim.

Salmo 23

---

---

SUMÁRIO

---

---

LISTA DE TABELAS.....	08
LISTA DE FIGURAS.....	10
LISTA DE ANEXOS.....	10
RESUMO.....	11
ABSTRACT.....	11
1. INTRODUÇÃO.....	12
2. BIBLIOGRAFIA CONSULTADA.....	13
2.1. Estimativas de parâmetros genéticos..	13
2.2. Interação genótipo x ambiente.....	15
2.2.1. Resultados observados da interação genótipo x ambiente em bovinos de corte.....	19
2.2.2. Resultados observados da interação genótipo x ambiente em bovinos de leite.....	22
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	24
3.1. Material.....	24
3.2. Métodos.....	26
3.2.1. Modelo para avaliação da interação genótipo x ambiente por intermédio da análise de variância.....	26
3.2.2. Estudo da interação genótipo x ambiente utilizando correlações.....	26
3.2.2.1. Modelo unicaracterística.....	27
3.2.2.2. Modelo bicaracterística.....	27
3.2.2.3. Classificação dos reprodutores.....	28
3.2.2.4. Correlação de postos de Spearman.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
4.1. Análise de variância dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade e resultados descritivos das variáveis incluídas no modelo.....	29
4.2. Análises unicaracterística para estimação dos componentes genéticos (geral).....	35
4.3. Análises bicaracterística de pesos corporais (geral).....	36
4.4. Análises unicaracterística dos pesos aos 205 e aos 365 dias de idade, em cada uma das regiões estudadas.....	37
4.5. Análises bicaracterística dos pesos aos 205 e 365 dias de idade, consideradas como características diferentes, em cada uma das regiões estudadas.....	39
5. CONCLUSÕES.....	46
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47

---

---

LISTA DE TABELAS

---

---

TABELA 1-	Estimativas de herdabilidades direta ( $h^2_a$ ) e materna ( $h^2_m$ ) e correlações genéticas entre os efeitos direto e materno dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore no Brasil.....	14
TABELA 2-	Estatística descritiva dos arquivos com informações de pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade.....	25
TABELA 3-	Estatística descritiva do arquivo 2 ("fim205") e 3 ("fim365") nas diversas regiões estudadas.....	25
TABELA 4-	Análise de variância dos pesos aos 90 (P90) dias de idade nas diversas regiões estudadas.....	29

TABELA 5-	Análise de variância dos pesos aos 205 (P205) dias de idade nas diversas regiões estudadas.....	29
TABELA 6-	Análise de variância dos pesos aos 365 (P365) dias de idade nas diversas regiões estudadas.....	30
TABELA 7-	Número de animais distribuídos ao longo dos anos.....	31
TABELA 8 -	Componentes <sup>1</sup> de variância e covariância, herdabilidade direta e materna e correlação entre os efeitos direto e materno dos pesos aos 90 (P90), aos 205 (P205) e aos 365 (P365) dias de idade.....	35
TABELA 9 -	Estimativas dos componentes de variância (diagonal) e covariância (fora da diagonal) dos pesos ao nascer (90), aos 205 (p205) e aos 365 (p365) dias de idade, em análises bicaracterística .....	36
TABELA 10 -	Estimativas de herdabilidades do efeito direto das características 1 e 2 ( $h^2_a 1, h^2_a 2$ ), efeito materno da característica 1 e 2 ( $h^2_m, h^2_m 2$ ) e correlações genéticas ( $r_g$ ) entre peso aos 90 (p90), aos 205 (p205) e aos 365 (p365) dias de idade, em análises bicaracterística.....	37
TABELA 11-	Variâncias genéticas aditivas diretas ( $\sigma^2_a$ ), genéticas aditivas maternas ( $\sigma^2_m$ ), fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), residuais ( $\sigma^2_e$ ), covariância entre os efeitos genéticos direto e materno ( $\sigma_{am}$ ), herdabilidade direta ( $h^2_a$ ) e materna ( $h^2_m$ ) e correlação entre os efeitos direto e materno ( $r_{am}$ ) obtidas em análises unicaracterística do peso aos 205 (P205) dias de idade, sem considerar o efeito da interação touro x região, em cada uma das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	38
TABELA 12-	Variâncias genéticas aditivas diretas ( $\sigma^2_a$ ), genéticas aditivas maternas ( $\sigma^2_m$ ), fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), residuais ( $\sigma^2_e$ ), covariância entre os efeitos genéticos direto e materno ( $\sigma_{am}$ ), herdabilidades direta ( $h^2_a$ ) e materna ( $h^2_m$ ) e correlação entre os efeitos direto e materno ( $r_{am}$ ) obtidas em análises unicaracterística do peso aos 365 (P365) dias de idade, sem considerar o efeito da interação touro x região, em cada uma das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste(NE).....	38
TABELA 13-	Estimativas de variâncias genéticas aditivas direta (a1-a2) e materna (m1-m2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 205 (P205) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	40
TABELA 14-	Estimativas de variâncias fenotípica (p1-p2) e residual (e1-e2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 205 (P205) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	41
TABELA 15-	Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta (a1-a2) e materna (m1-m2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 365 (P365) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	42
TABELA 16-	Estimativas de variâncias fenotípica (p1-p2) e residual (e1-e2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 365 (P365) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	43
TABELA 17-	Estimativas de herdabilidade direta para as características 1 ( $h^2_a 1$ ) e 2 ( $h^2_a 2$ ), herdabilidade materna para as características 1 ( $h^2_m 1$ ) e 2 ( $h^2_m 2$ ), e correlações genéticas dos efeitos genéticos diretos dos pesos aos 205 (P205) dias de idade,	

	consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	43
TABELA 18-	Estimativas de herdabilidade direta para as características 1 ( $h_a^2 1$ ) e 2 ( $h_a^2 2$ ), herdabilidade materna para as características 1 ( $h_m^2 1$ ) e 2 ( $h_m^2 2$ ), e correlações genéticas dos efeitos genéticos diretos dos pesos aos 365 (P365) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE).....	44
TABELA 19-	Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos dos touros, obtida a partir de análises bicaracterísticas entre o par de combinação das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste(NE) para 62 touros com maiores valores genéticos.....	45

---

LISTA DE FIGURAS

---

FIGURA 1-	Distribuição geográfica desfavorável das progênies.....	19
FIGURA 2-	Distribuição geográfica favorável das progênies.....	19
FIGURA 3:	Efeito do ano de nascimento sobre a média anual dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade.....	30
FIGURA 4-	Efeito do sexo sobre os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade.....	31
FIGURA 5-	Média dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade de animais Nelore em cada uma das regiões estudadas.....	32
FIGURA 6-	Efeito da idade da vaca ao parto sobre os pesos aos 205 e 365 dias de idade .....	33
FIGURA 7-	Efeito da estação de nascimento sobre os pesos médios aos 90, 205 e 365 dias de idade de animais Nelore.....	34
FIGURA 8a-	Efeito interação touro x região sobre os pesos aos 205 dias de idade de animais Nelore, utilizando o desempenho médio dos reprodutores em cada uma das regiões.....	34
FIGURA 8b-	Efeito interação touro x região sobre os pesos aos 365 dias de idade de animais Nelore, utilizando o desempenho médio dos reprodutores em cada uma das regiões.....	34

---

LISTA DE ANEXOS

---

ANEXO I –	Valores genéticos do peso aos 205 dias de idade de 62 touros com respectivo número de filho e ordem de classificação, nas diversas regiões.....	52
ANEXO I –	Valores genéticos do peso aos 365 dias de idade de 62 touros com respectivo número de filho e ordem de classificação, nas diversas regiões.....	53

## RESUMO

Dados de pesos aos 90 (P90), aos 205 (P205) e 365 (P365) dias de idade, de 46408 animais provenientes de 530 rebanhos Nelore dos diversos estados brasileiros, no período de 1976 a 2000, foram utilizados neste estudo. O objetivo foi estimar os parâmetros genéticos, avaliar o efeito da interação genótipo x ambiente e classificar os touros em cada região. Os efeitos genéticos direto e materno foram estimados pelo Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) utilizando dois modelos estatísticos: o modelo unicaracterística geral e o modelo bicaracterística que consideraram os efeitos fixos de grupo contemporâneo e região, idade da vaca ao parto (covariável) e os efeitos aleatórios genéticos direto e materno. Observou-se antagonismo entre os efeitos direto e materno para P90, P205 e P365. As correlações genéticas encontradas para as características P205 e P365, ambas consideradas características distintas nas regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE), foram, respectivamente, 0,86 e 0,84; 0,64 e 0,35; 0,75 e 0,42; 0,79 e 0,86; 0,92 e 0,81; 0,95 e 0,83; 0,83 e 1,00; 0,88 e 0,81; 0,33 e 0,85; 0,63 e 0,99 para S e SE, S e CO, S e N, S e NE, SE e CO, SE e N, SE e NE, CO e N, CO e NE e N e NE. As baixas correlações genéticas indicaram que há efeito da interação genótipo x ambiente nas combinações envolvendo as regiões Sul/Centro-Oeste, Sul/Norte, Sul/Nordeste, Centro-Oeste/Nordeste e Norte/Nordeste para P205 dias de idade e Sul/Centro-Oeste e Sul/Norte para P365 dias de idade, indicando também a necessidade de avaliação genética regional quando se consideram regiões bastante distintas.

Palavras-chave: Efeitos direto e materno, interação genótipo x ambiente, parâmetros genéticos, Nelore.

## ABSTRACT

Body weight records at 90 (90W), 205 (205W) and 365 (365W) days of age of 46,408 animals born from 1976 to 2000 in 530 Nelore herds of several States of Brazil were used to estimate genetic parameters, evaluate the effect of genotype by environment interaction and rank the sires in each region. Genetic and maternal effects were estimated by restricted maximum likelihood methodology using two different statistical models, a univariate model and a bivariate model with the fixed effects of contemporary group, age of cow (covariate) and genetic and maternal random effects. Antagonisms between direct and maternal effect were observed for 90W, 205W and 365W traits. The genetic correlation for 205W and 365W, every one considered as different traits in each of South (S), Southeast (SE), Central West (CO), North (N) and Northeast (NE) regions were 0.86 e 0.84, 0.64 e 0.35, 0.75 e 0.42, 0.79 e 0.86, 0.92 e 0.81, 0.95 e 0.83, 0.83 e 1.00, 0.88 e 0.81, 0.33 e 0.85, 0.63 e 0.99 for S/SE, S/CO, S/N, S/NE, SE/CO, SE/N, SE/NE, CO/N, CO/NE and N/NE, respectively. These results indicated a significant genotype by environment interaction for 205W in the combination involving the South/Central West, South/North, South/Northeast, Central West/Northeast and North/Northeast regions. For the 365W there were significant genotype by environment interaction effects in the combination involving the South/Central West and South/North regions. These results also indicated that is necessary a regional genetic evaluation when considering very distinct regions.

Keywords: Direct and maternal effects, genetics parameters, genotype by environment interaction, Nelore cattle.

## 1. INTRODUÇÃO

A bovinocultura brasileira é atividade bastante difundida, destacada a nível mundial por possuir o maior rebanho comercial do mundo, com rebanho estimado em 164,9 milhões de cabeças (Anualpec, 2006) das quais estimam-se 100 milhões de animais Nelore que representam 80% da sua força industrial de carne (Vita, 2006).

A difusão destes animais em todo o território nacional ocorre em virtude de sua rusticidade, fertilidade e à sua capacidade de adaptar-se ao clima e às diferentes condições de manejo e alimentação.

Além de rebanho numeroso, o Brasil dispõe de alto potencial para produção de carne bovina em decorrência de sua vasta extensão territorial e disponibilidade de pastagem, que representa a mais econômica fonte de nutrientes dos bovinos. Contudo, o desempenho dos animais, muitas vezes, não tem sido satisfatório em função dos baixos índices de produtividade atribuídos à estacionalidade da produção de forragens, entre outros fatores.

A exploração eficiente destes animais depende pois de melhoria de ambiente em que são criados e de um programa de melhoramento delineado para aumentar a velocidade de progresso genético que fica em função de identificação mais exata do valor genético destes animais, ou seja, aumentar a correlação entre o critério de seleção e o valor genético dos animais.

Os métodos utilizados para prever o valor genético dos animais dependem das estimativas dos parâmetros genéticos das características envolvidas no programa de seleção. Estimativas de variância e covariância genéticas, herdabilidades e correlações genéticas, que são específicas para as características e rebanhos avaliados, obtidas com erros e/ou com baixa precisão podem prejudicar a avaliação genética e a eficiência do critério de seleção a ser utilizado (Machado et al., 1999).

Na definição do modelo de análise, deve-se levar em conta que as características de crescimento de bovinos são influenciadas pelos efeitos genéticos aditivo (direto) e materno que

podem influenciar as características tanto no período de gestação quanto os desempenhos pré e pós desmame dos animais (De Souza et al., 2003 e Fridrich et al. 2005).

Finalmente, deve-se considerar que a interação genótipo x ambiente é essencial para os programas de melhoramento genético dos animais. Os estudos deste tipo de interação começaram a partir do século XX e estão, basicamente, relacionados ao ambiente no qual a seleção deve ser praticada, se no ambiente em que os animais serão criados ou no ambiente melhorado que permitiria que os animais expressassem todo o seu potencial genético.

Em 1945, Lush recomendava que os animais deveriam ser mantidos e avaliados no ambiente no qual suas progênes seriam criadas, de forma que os genes desejados pudessem ter a oportunidade de expressar seus efeitos para fins de seleção. Hammond (1947), já propunha que os animais deveriam ser selecionados em ambiente que permitisse sua máxima expressão, mas Falconer, em 1952, sugeria que o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica poderia variar em decorrência do ambiente de criação, salientando, portanto, a importância da interação genótipo x ambiente.

Em países, como o Brasil, que apresentam grande extensão territorial, o clima, o manejo e a alimentação dos animais podem variar muito entre as regiões, e espera-se que esta variação possa causar desempenhos diferenciados dos animais em função do ambiente de criação, resultando em interação genótipo x ambiente de apreciável magnitude.

Os resultados obtidos por Alencar et al. (2005), por meio de componentes principais, indicam interação touro x época de nascimento significativa para pesos e ganhos de pesos de animais Canchim até os doze meses de idade, e sugerem que esta interação deve ser considerada nos estudos de avaliação genética.

Fridrich et al. (2005), ao estudarem o desempenho de animais Tabapuã nas diversas regiões brasileiras, ao considerar a expressão da mesma característica em ambiente diferentes como sendo expressão de diferente característica, salientam a existência

significativa da interação genótipo x ambiente, principalmente para as combinações de regiões que envolvem a região nordeste.

Entretanto, Ribeiro (2006), ao avaliar o desempenho de animais Nelore de diferentes rebanhos do estado de São Paulo e um rebanho do estado do Mato Grosso do Sul, dessa forma limitando o universo de ambiente de criação, encontrou correlações genéticas para a mesma característica em ambientes diferentes que variaram entre 0,82 a 1,00, indicando pequeno ou nenhum efeito da interação genótipo x ambiente nos rebanhos estudados.

Portanto, o assunto é ainda controverso e merece estudos mais detalhados que possam ampliar a amplitude de ambientes e maior número de rebanhos distribuídos nos vários estados brasileiros, para dar fidedignidade e sustentabilidade às metodologias empregadas nas avaliações genéticas.

Na presença da interação genótipo x ambiente, essa avaliação poderá variar de ambiente para ambiente e alterar a classificação dos genótipos, ou ainda, na magnitude de suas diferenças (Rorato et al., 1992).

Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos, avaliar a existência de possível interação genótipo x ambiente para os pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore e classificar os melhores touros em cada região brasileira.

## 2. BIBLIOGRAFIA CONSULTADA

### 2.1. Estimativas de parâmetros genéticos

Na avaliação genética dos animais, há necessidade de se definir quais características são importantes para produtividade, dispor de estimativas acuradas de parâmetros genéticos, além da definição de modelo apropriado para obtenção dos valores genéticos dos animais objetivando a identificar animais geneticamente superiores.

Em gado de corte, as avaliações genéticas mais comuns são as de pesos aos 205 (desmame) e 365 dias de idade (pós-desmame). O peso ao

desmame, além de representar a influência que a mãe exerce sobre o bezerro, ou seja, a capacidade da mãe em criar e prover as necessidades mínimas capazes de permitir a sobrevivência e o desenvolvimento de seu bezerro (Pereira, 2004), também proporciona, em parte, a capacidade do animal em aproveitar o alimento forrageiro disponível para ele. Já o peso pós-desmame é característica que expõe quase totalmente a capacidade de desenvolvimento dos animais, em idade adulta e/ou próxima de abate (Trovo et al., 1996).

Os fatores relacionados ao crescimento dos animais podem ser de ordem genética e ambiental (ano de nascimento, estação de nascimento, a idade da vaca ao parto, sexo, manejo, entre outras). Todos os fatores são importantes para expressão das características, mas os de ordem ambiental devem ser corrigidos, para eliminar seus efeitos sobre as características e obtenção acurada de valores genéticos.

Deve-se ressaltar que as magnitudes das herdabilidades e as correlações genéticas são importantes para o estabelecimento de métodos de seleção a serem adotados dentro de programas de melhoramento genético.

A herdabilidade, que expressa a proporção da variância total atribuída ao efeito aditivo médio dos genes, responsável pelo grau de semelhança entre parentes, representa a confiança que se deve depositar no valor fenotípico como guia do valor genético dos animais (Falconer, 1989).

As estimativas de herdabilidade variam com a composição genética da população e com as condições do ambiente onde são avaliadas e de época para época.

A correlação genética, por sua vez, mede a associação entre as características, e sua grandeza é de grande importância no melhoramento animal uma vez que determina que a melhora de uma característica pode causar alterações nas demais independente da vontade do melhorista (Falconer, 1989).

A correlação genética entre a mesma característica expressa em ambientes diferentes pode ser utilizada também para estabelecer a magnitude da interação genótipo x ambiente,

uma vez que seu valor pode determinar se os mesmos genes são responsáveis ( $r_g = 1$ ) ou não ( $r_g < 0,80$ ) pela expressão da mesma característica em ambientes diferentes.

Na tabela 1 estão relacionadas as estimativas de herdabilidades e correlações genéticas entre os efeitos genéticos direto e materno para os pesos aos 205 e aos 365 dias de idade da raça Nelore no Brasil, a partir de 1989. Observam-se variações bastante amplas para todas as características e idades. Os valores de herdabilidade direta para o peso aos 205 dias de

idade variam de 0,12 a 0,62, para a herdabilidade materna de 0,06 a 0,29 e a correlação entre os efeitos genéticos direto e materno variaram de -0,77 a 0,45. Para o peso aos 365 dias de idade, os valores da herdabilidade direta de 0,12 a 0,43, da herdabilidade materna de 0,00 a 0,10 e a correlação entre os efeitos genéticos direto e materno de -0,38 a 1,00.

Tabela 1: Estimativas de herdabilidades direta ( $h_a^2$ ) e materna ( $h_m^2$ ) e correlações genéticas entre os efeitos direto e materno dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore no Brasil

Característica	$h_a^2$	$h_m^2$	$r_{g_{am}}$	Fonte
Peso aos 205 dias de idade	0,15	0,11	0,08	Magnabosco et al., 1996
	0,24 ± 0,03			Eler et al., 1998
	0,62 ± 0,04			Machado et al., 1999
	0,14 e 0,17	0,09 e 0,19	0,45 e -0,21	Ferreira, 1999
	0,28	0,06	-0,24	Eler et al., 2000
	0,26	0,10	-0,24	Gunski et al., 2001
	0,23			Ferraz Filho et al., 2002
	0,23	0,08		Marcondes et al., 2002
	0,12 ± 0,04	0,29 ± 0,09	-0,77	Sarmiento et al., 2003
	0,26			Souza et al., 2003
	0,36 a 0,59			Toral et al., 2004
0,12	0,08	0,22	Holanda et al., 2004	
0,17 a 0,33			Ribeiro, 2006	
Peso aos 365 dias de idade	0,29 ± 0,02			Eler, et al., 1989
	0,12	0,07	0,08	Magnobosco et al., 1996
	0,43 ± 0,04			Machado et al., 1999
	0,21 e 0,14	0,02 e 0,00	1,00 ± 0,97	Ferreira, 1999
	0,35	0,04	-0,38	Gunski, et al., 2001
	0,29	0,10		Marcondes et al., 2002
	0,21			Ferraz Filho et al., 2002
	0,42 ± 0,12	0,0	-0,24	Sarmiento et al., 2003
0,35 a 0,49			Toral et al., 2004	

As médias encontradas das estimativas de herdabilidade direta foram 0,23 e 0,30, respectivamente, para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, indicando que as características responderiam bem à seleção, com vantagens para o peso aos 365 dias de idade.

A grande maioria dos resultados indica valores negativos para as correlações entre os efeitos direto e materno, indicando antagonismo entre os efeitos dos genes responsáveis pelo crescimento e dos genes para habilidade materna, notadamente para as características

ponderais até os 365 dias de idade (Pereira, 2004), devendo-se, pois, ter muita cautela quanto a seleção para qualquer uma, pois, a melhoria em uma pode proporcionar redução ou nenhuma melhoria na outra.

Mercadante e Lôbo (1997) analisaram o peso aos 365 dias de idade de bovinos de corte sob quatro diferentes modelos para avaliar as estimativas de (co) variância e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno. Os autores encontraram considerável variabilidade genética das características estudadas, e, além

disso, citam que pode ser obtida superestimação do componente genético direto quando os efeitos genético materno e permanente de ambiente não forem incluídos no modelo.

Notter (1992) cita que os valores de herdabilidades decrescem quando se incorpora o efeito materno no modelo de análise. Meyer (1992), ao analisar dados de crescimento de animais *Bos taurus taurus* e *Bos taurus indicus*, sob seis diferentes modelos, observou que o modelo que incluiu os efeitos genéticos direto e materno e efeito permanente de ambiente proporcionou o melhor ajuste aos dados e, de modo geral, a variância residual permaneceu a mesma em todas as análises.

Maiwaske et al. (2002) estimaram os parâmetros genéticos para medidas corporais e de crescimento (peso ao nascimento, peso ao desmame e peso final) de bovinos Bonsmara na África do Sul. As estimativas de herdabilidades encontradas indicaram que a variância genética aditiva existente nas características pode promover resposta a seleção, inclusive para seleção simultânea das características corporais e de crescimento. Os autores encontraram correlação genética positiva para medidas corporais e de crescimento, e que a alta correlação genética (0,76) entre altura da paleta e comprimento corporal sugerem que a seleção para altura de paleta pode proporcionar rápido progresso no comprimento corporal.

## 2.2. Interação Genótipo x Ambiente

Em meados do século XX, iniciaram-se os estudos que visavam estabelecer qual o melhor ambiente de seleção para que os animais pudessem expressar o máximo de seu potencial genético, isto é, se a seleção devia ser praticada no ambiente em que o animal seria criado ou em ambiente melhorado.

Lush (1945) recomendava que os animais deveriam ser mantidos e avaliados no ambiente no qual suas progênes seriam criadas, de forma que os genes desejados pudessem ter a oportunidade de expressar seus efeitos para fins de seleção. Já em 1947, Hammond propôs que os animais deveriam ser selecionados nos melhores ambientes, para que pudessem

expressar melhor os genes de interesse. Falconer, contudo, em 1952, sugeriu que o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica podia variar de acordo com o ambiente de criação, enquanto Dickerson (1962) sugeriu que a mudança genética em ambiente diferente do ambiente de seleção seria proporcional à correlação genética entre os desempenhos nos dois ambientes.

As características fenotípicas (peso, volume e qualquer forma mensurável) de importância econômica em bovinos resultam da soma de fatores genéticos (raça, família, “grau de sangue”, linhagem, etc.), de ambiente (clima, alimentação, manejo, saúde, etc.) e da interação entre eles, se as diferenças fenotípicas entre genótipos variarem em magnitude de ambiente para ambiente.

Segundo Bowman (1981), a interação genótipo x ambiente representa a mudança relativa de genótipos que resultam em expressões diferenciadas de fenótipos em mesmo ambiente ou em ambientes diferentes. Pode ainda ser conceituada como alteração no desempenho relativo de uma característica, expressa por dois ou mais genótipos, em dois ou mais ambientes. Isto é, um genótipo pode ser superior a outro genótipo em determinado ambiente, porém inferior em outro.

A existência da interação genótipo x ambiente, segundo Falconer (1989), pode significar que o melhor genótipo em um ambiente, não é o melhor em outro. O melhor touro em determinada região brasileira pode não ser o melhor em outra em decorrência de diferenças climáticas, ambientais (sanitárias, nutricionais, etc.) e de manejo, ou seja, a interação pode ocasionar mudanças na classificação dos animais (genótipos) entre os ambientes, além de mudanças na magnitude relativa das variâncias e herdabilidades.

Os mesmos valores fenotípicos podem representar características gênicas diferentes, se os animais estiverem em ambientes diferentes, isto é, o conjunto de genes responsáveis pela expressão da característica em um ambiente pode não ser o mesmo em outro.

A interação genótipo x ambiente, pode ser avaliada de diversas formas. Segundo Haldane

(1946), a ordenação dos genótipos em cada um dos ambientes é o método mais utilizado para indicar a presença de interação. Alterações nas classificações dos animais entre os ambientes foram observadas em vários trabalhos realizados para avaliar o efeito da interação genótipo x ambiente (Tess et al., 1979; Bertrand et al., 1987; Soto Murilo et al., 1993; Matos et al., 1996; Fridrich et al., 2005).

A interação genótipo x ambiente pode ser também avaliada pelo valor da estimativa da correlação entre valores genéticos ( $r_g$ ) da mesma característica expressa em diferentes ambientes. Em 1959, Robertson sugeriu que quando o valor desta correlação genética for menor que 0,8, a interação genótipo x ambiente passaria a assumir papel importante na expressão da característica. Correlação genética igual a 1 significa que não há interação genótipo x ambiente, ou seja, os mesmos genes estão agindo na expressão da característica em dois ou mais ambientes. Correlações genéticas menores do que 1 e maiores que 0,8, sugerem que os genótipos ativos nos dois ambientes são parcialmente idênticos (Falconer, 1989; Meyer, 1995; Hourri Neto, 1996, Fridrich, 2003), porém se a  $r_g$  for baixa, a expressão fenotípica das características será diferente. Assim, as características devem ser consideradas características distintas e determinadas por conjuntos diferentes de genes.

A fórmula utilizada por Robertson (1959) para o cálculo da correlação genética para dois ambientes foi a seguinte:

$$R_g = (\sigma^2_G - \sigma^2_{GA}) / (\sigma^2_G + \sigma^2_{GA} - 2 \sigma^2_E);$$

em que

$\sigma^2_G$  = variância genética aditiva;

$\sigma^2_{GA}$  = variância da interação genótipo x ambiente;

$\sigma^2_E$  = variância do erro amostral.

Segundo Falconer (1989):

$$R_g = \sigma_{HIH2} / [(\sigma^2_{S1} - R1) (\sigma^2_{S2} - R2)]$$

em que

$\sigma_{HIH2}$  = covariância das filhas nos ambientes 1 e 2, respectivamente;

$\sigma^2_{S1}$  e  $\sigma^2_{S2}$  = variâncias atribuídos aos reprodutores nos ambientes 1 e 2, respectivamente;

R1 e R2 = são iguais a  $1/s \sum (1/N_{ij}) \sigma^2_{ej}$  e estimam a quantidade de variância dentro de reprodutor;

s = número de reprodutores com filhas em ambos os ambientes;

$N_{ij}$  = número de filhas do reprodutor i, no ambiente j; e

$\sigma^2_{ej}$  = variância do erro no ambiente j.

Van Vleck (1963) cita que uma diferença significativa na magnitude da estimativa de herdabilidade de um caráter em dois ambientes poderia indicar a presença da interação. O autor considera que uma vantagem no uso desse método é que com a alta herdabilidade em um ambiente, menor número de progênies seria requerido para avaliar um reprodutor para determinado grau de acurácia.

Outra forma de se avaliar o efeito da interação genótipo x ambiente seria mediante o emprego de análises de variância das características em modelos que incluem fatores de classificação cruzada, ou seja, em modelos fatoriais que englobam combinações de fatores como, por exemplo, o efeito de genótipo (G) e efeito de ambiente (A). Neste caso, o efeito da interação genótipo x ambiente pode ser testado determinando-se a significância estatística dessa interação.

A resposta correlacionada é forma indireta de se determinar a magnitude da correlação genética e, assim, avaliar a interação genótipo x ambiente. Determina-se a resposta direta à seleção em um ambiente e a resposta correlacionada à seleção para a mesma característica porém em ambiente diferente. A razão entre as duas respostas fornece a correlação genética entre as características, desde que ambas sejam medidas com a mesma acurácia, ou seja,  $h_1$  e  $h_2$  devem ser iguais, na fórmula proposta por Falconer (1952) e expressa a seguir :

$$\frac{\text{Resposta Correlacionada}}{\text{Resposta Direta}} = \frac{\Delta'G1}{\Delta G1} = \frac{h_2}{h_1} r_g,$$

em que;

$\Delta' G$  = ganho genético;  
 $h$  = raiz quadrada da herdabilidade;  
 $r_g$  = correlação genética.

A seleção indireta é recomendada quando a característica principal é difícil de ser mensurada ou quando a coleta de dados tem alto custo e leva-se muito tempo para sua obtenção (Cardellino, 1987). Para que este tipo de seleção indireta seja realizada deve sempre existir alta correlação genética entre as duas características, sendo esse tipo de seleção favorecida quando: (1) houver alta correlação genética entre a mesma característica expressa em dois ou mais ambientes e (2) a herdabilidade da característica secundária for muito maior do que a principal (Reis e Lôbo, 1991).

A interação genótipo x ambiente em plantas, é avaliada por meio de estudos da adaptabilidade e estabilidade dos cultivares. Essa análise é usada no estudo de desempenho diferencial de grupos genéticos em vários ambientes. A análise é realizada em duas etapas. Na primeira etapa, é feita análise de variância para obter a informação da existência e da extensão da significância da interação genótipo x ambiente. Além dessa informação, ela também obtém a soma de quadrados particionada do genótipo e do ambiente, ou seja, a soma de quadrados do genótipo e a soma de quadrados do ambiente. Na segunda etapa, é realizada a análise de regressão do desempenho médio de cada genótipo em função do ambiente (Cruz et al., 1989). O modelo proposto para esse tipo de análise é apresentado a seguir:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i} X_j + \beta_{2i} T(X_j) + \delta_{ij} + \bar{e}_{ij},$$

em que

$Y_{ij}$  = média do cultivar  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, m$ ) no local  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) resultando de  $r$  repetições;  
 $X_j$  = índice ambiental definido por:

$$X_j = \frac{Y_{.j}}{m} - \frac{Y_{..}}{mn}, \text{ em que } \sum_{j=1}^n X_j = 0$$

O termo  $T(X_j)$  é definido por:

$$T(X_j) = 0 \text{ se } X_j \leq 0$$

$$T(X_j) = X_j - \bar{X}_p \text{ se } X_j > 0,$$

em que

$\bar{X}_p$  = média do índice positivo  $X_j$ ;

Assim,

$$\sum_{j=1}^n T(X_j) = \sum_{j=1}^{n_1} T(X_j) = \sum_{j=n_1+1}^n T(X_j) = T(X_j) = 0$$

em que

$n_1$  = número de ambientes não favoráveis (índice negativo  $X_j$ )  
 $n - n_1$  = número de ambientes favoráveis (índice positivo  $X_j$ )  
 $\beta_{0i}$  = intercepto da equação de regressão,  
 $\beta_{1i}$  = coeficiente linear de regressão associado a variável  $X_j$ ,  
 $\beta_{2i}$  = coeficiente linear de regressão associado a variável  $T(X_j)$ ,  
 $e_{ij}$  = erro médio experimental associado com a observação  $Y_{ij}$ .

As respostas ao ambiente podem ser medidas, a partir dos valores que adotam os coeficientes de regressão ( $b_i$ ). Um  $b_i$  indica uma resposta média em relação ao conjunto de genótipos investigados. Um valor de  $b_i > 1$  indica que a resposta ocorre em maior magnitude do que a média. Valor de  $b_i < 1$  corresponde a uma resposta menor que a média da característica. Em ocasiões extremas, o valor de  $b_i$  poderá ser negativo ou até 0, este último caso indicaria que os genótipos não responderiam ao incremento da qualidade do ambiente (Reis e Lôbo, 1991). Em bovinos de corte, esse método de regressão de medidas de um caráter para cada genótipo em diferentes ambientes é pouco utilizado.

Diferenças nas respostas à seleção, verificadas em ambientes distintos são geralmente atribuídas a dois tipos de interação genótipo x ambiente (IGA) (Stanton et al., 1991). O primeiro é a correlação genética já descrita anteriormente, e o segundo seria resultado da

heterogeneidade de variância. No caso de avaliação para características simples, os reprodutores teriam a mesma classificação em cada ambiente, mas as diferenças na resposta à seleção das filhas e nos valores genéticos dos reprodutores seriam menores no ambiente com menor variabilidade.

A heterogeneidade de variância influi basicamente na seleção. Quando presente, a heterogeneidade de variância genética influencia na magnitude das diferenças entre os genótipos, mas não influi na dos resíduos. Isso pode ser causado pela diferença na constituição genética em decorrência da seleção ao longo das gerações, acasalamentos, diferenças na intensidade de seleção aplicada nos rebanhos ou, também, pela interação genótipo x ambiente. As correlações genéticas entre as classes de heterogeneidade de variância seriam iguais a unidade, exceto quando a causa é atribuída à interação na qual diferenças na capacidade adaptativa alteram a classificação dos genótipos de acordo com o ambiente. Nesse caso, se a correlação genética for diferente da unidade, a avaliação genética tende a indicar animais com capacidade adaptativa mais estáveis como sendo os genótipos superiores, o que não indica que ele seja superior em todos os ambientes.

Os trabalhos mais recentes têm empregado outras metodologias para a avaliação da interação genótipo x ambiente. Alguns pesquisadores utilizam análise bayesiana (Simonelli, 2005; Falcão et al., 2006; ), e outros fazem uso de modelos de regressão aleatória e normas de reação ao ambiente (Kolmodin et al., 2002; Calus e Veerkamp, 2003; Calus et al., 2004; Kolmodin e Bijma, 2004).

Com a análise bayesiana têm-se, na realidade, dois interesses: 1) estimação de parâmetros genéticos, e 2) teste de hipóteses, nesse caso, somente duas hipóteses são testadas por vez e, em geral, rejeita-se  $H_0$  quando ela é falsa. Ela vem sendo utilizada por muitos autores na estimação dos componentes genéticos via amostrador Gibbs para avaliar a interação genótipo x ambiente, estimada pela correlação genética obtida por esse método.

A norma de reação descreve o fenótipo expresso por um genótipo como função do ambiente. É

útil quando os fenótipos mudam gradualmente e continuamente sob um gradiente de ambiente (Jong, 1995). Nesse caso, o ambiente não é classificado em grupos.

Um método bastante utilizado em análises de norma de reação é a regressão do genótipo em cada ambiente em relação ao gradiente de ambiente. 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). A grande vantagem desse método é que o ambiente pode ser classificado como mais ou menos favorável.

Kolmodin et al. (2002) utilizaram uma abordagem em dois estádios para estudar a norma de reação de animais às variações gradativas de ambiente de produção, identificando-se genótipos com melhor desempenho em cada gradiente experimental. Os autores, em bovinos de leite, utilizaram esse procedimento para identificar a interação genótipo x ambiente no desempenho dos animais. Primeiramente, eles obtiveram as estimativas do efeito médio do ambiente ignorando os efeitos genéticos e, em seguida, estimaram os efeitos genéticos e da interação genótipo x ambiente com base nas estimativas obtidas previamente. Os autores verificam que os animais geneticamente superiores tenderam a ser mais sensíveis a mudanças de ambiente. O aspecto muito importante que deve ser levado em consideração quando existe a interação genótipo x ambiente é a definição do ambiente mais adequado para a seleção.

No passado os reprodutores só tinham filhos no mesmo ambiente em que viviam, porque não havia disponibilidade de tecnologias como inseminação artificial, transferência de embrião, entre outras. Assim, seria quase impossível que o touro apresentasse progênie em fazendas de outros estados ou até mesmo em regiões distintas dentro de um mesmo estado. Nesses casos, a distribuição geográfica das progênie era desfavorável para a avaliação genética dos reprodutores porque as progênie de cada reprodutor se localizavam em apenas uma região (ambiente), o que impossibilitava a avaliação da interação genótipo x ambiente (figura 1). No Brasil, a inseminação artificial começou a ser incorporada e desenvolvida com

maior rigor em meados da década de 70, quando surgiram as primeiras empresas especializadas.

A partir daí a inseminação artificial foi utilizada em maior escala, permitindo que reprodutores tivessem progênes espalhadas por todo território nacional, e com isso, proporcionou melhora na avaliação do valor genético do reprodutor, com ou sem a presença da interação genótipo x ambiente.

A forma encontrada para amenizar o efeito da interação genótipo x ambiente foi a utilização de touros de forma diversificada em diferentes propriedades espalhadas por todo o país com diferentes níveis de produção (figura 2). Isto pode ser obtido por meio da inseminação artificial, que é biotécnica bastante acessível e relativamente barata, que permite que os touros tenham progênes em várias regiões do Brasil, tornando a avaliação genética mais confiável.



Figura 1: Distribuição geográfica desfavorável das progênes

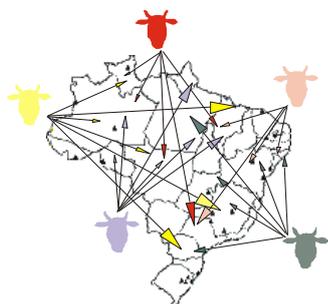


Figura 2: Distribuição geográfica favorável das progênes

Um estudo teórico desenvolvido para investigar os efeitos da interação genótipo x ambiente

sobre o ganho genético em esquemas de teste de progênie e teste de irmãos que considerou dois ambientes diferentes, o ambiente de seleção e o ambiente de produção, foi realizado por Mulder e Bijma (2005) que observaram que o desempenho de animais no ambiente de produção minimizou as perdas no ganho genético em razão da interação genótipo x ambiente que foi de moderada a severa ( $r_g \leq 0,8$ ) e que o teste de progênie é preferível em situações de baixa a moderada herdabilidade ( $h^2 \leq 0,3$ ).

### 2.2.1. Resultados observados da interação genótipo x ambiente em bovinos de corte

A interação genótipo x ambiente pode ocorrer em razão de vários fatores. Do ponto de vista ambiental, as fontes de variação podem ser a temperatura (alta ou baixa), umidade, qualidade da forragem, aspectos sanitários, etc., e do ponto de vista genético já é mais difícil de determinar quais são os mecanismos responsáveis pela variação nas diferentes respostas.

Um dos controles de ambiente utilizados é a qualidade das pastagens, seja pela variação na própria qualidade do pasto ou pela lotação animal. Neste contexto, os efeitos diretos e maternos podem variar em características de desenvolvimento pós-desmama (Brown et al. 1992). Soto Murilo et al. (1993) sugeriram mudanças na classificação de touros, provenientes de oito cruzamentos, nas características pré-desmama, com exceção do peso ao nascimento, nas mesmas condições ambientais de qualidade das pastagens, tanto pela variação da qualidade do pasto ou pela lotação animal.

Desse modo, os efeitos genéticos podem variar com o ambiente e deve-se considerar os diferentes manejos alimentares quando se desenvolvem sistemas de cruzamentos (Brown et al., 1993).

Brown e Gacula (1962), ao analisarem a taxa de ganho pós-desmama em gado de corte, não encontraram interação touro x ambiente

significante, o que indica que os touros foram classificados de modo semelhante com base no teste de desempenho dos filhos e no ganho de suas filhas, mesmo sob limitação de alimentação.

Ao estudar o efeito da interação genótipo x ambiente na produção e qualidade do leite em bovinos das raças Angus, Brahman e seus cruzamentos, avaliadas em diferentes forragens, Brown et al. (2001) observaram que o efeito direto do cruzamento sobre a produção de leite, gordura do leite e contagem de células somáticas e heterose para produção do leite e contagem de células somáticas (como porcentagem das médias dos animais puros) tendeu a variar com o tipo de forragem, o que indica presença de interação genótipo x ambiente para essas características.

Koger et al. (1979) avaliaram características reprodutivas de três rebanhos Hereford de linhagens diferentes e em dois locais diferentes (Montana e Florida), nos Estados Unidos, encontrando alta significância da interação linhagem x local para a taxa de prenhez e taxa de desmama.

Buchanan e Nielsen (1979), Tess et al. (1979), Burns et al. (1979), Pahnish et al. (1983) e Bertrand et al. (1985) evidenciaram interações reprodutor x região e (ou) reprodutor x rebanho/região significantes, ao trabalharem com peso pré-desmama, a desmama e (ou) pós-desmama em bovinos das raças Simental e Hereford.

Nobre et al. (1988) verificaram interação reprodutor x estação de nascimento, em bovinos da raça Nelore, com efeitos significativos para pesos ao nascimento, 205 e 365 dias de idade. Bittencourt (1993), ao avaliar a idade ao primeiro parto (IPP), encontrou efeito significativo do ano de nascimento, touro, fazenda e da interação fazenda x touro que foi responsável por 8,49% da variação fenotípica total.

Notter et al. (1992) usaram pesos à desmama de 44357 bezerros Angus, filhos de 1020 touros, em 90 rebanhos, para avaliarem a importância da interação touro x rebanho. Os autores observaram que progênes meio-irmãs, filhas de touros dentro do mesmo rebanho, tiveram peso

a desmama mais similares que progênes meio-irmãs filhas do mesmo touro em diferentes rebanhos, mesmo após o ajustamento para todos os fatores de ambientes comuns conhecidos. Os autores citam que o número de rebanhos foi muito pequeno para permitir teste definitivo de homogeneidade de variância genética aditiva dentro de rebanhos, mas sob suposição de homogeneidade, as estimativas de correlações genéticas variam de 0.52 a 0.61 para os diferentes tipos de análises realizadas, e sugeriram que a interação não seria causada somente pela interação genótipo x ambiente.

Campelo et al. (2003) verificaram a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos da raça Tabapuã e encontraram correlações entre os valores genéticos maiores do que 0.93. Os autores concluem que apesar da variância genética e ambiental, das herdabilidades e das médias e desvios-padrão dos valores genéticos dos reprodutores terem aumentado com o aumento do desvio-padrão fenotípico da classe, a heterogeneidade de variâncias não causou mudança na classificação dos reprodutores.

Carneiro (2003), ao estudar a avaliação genética na presença de heterogeneidade entre rebanhos, com dados simulados e diferentes graus de conexão genética e de heterogeneidade entre rebanhos, não encontrou efeito de heterogeneidade genética sobre a avaliação genética de touros quando há 100% de conexão genética entre os níveis de variabilidade, porém para vacas e progênes, os erros na ordem de classificação permaneceram altos. O problema da heterogeneidade entre rebanhos sobre as avaliações genéticas é atribuído basicamente à presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos. O autor verificou também que a heterogeneidade de variância genética, média fenotípica e variância fenotípica não prejudicaram a avaliação genética dos animais e que o grau de conexão dos dados influenciou os resultados das avaliações genéticas, apenas quando os rebanhos apresentaram médias genéticas heterogêneas. Para os outros tipos de heterogeneidade entre rebanhos, os resultados das avaliações genéticas para touros, vacas e progênes foram semelhantes para os diferentes graus de conexão testados. O autor cita ainda

que a análise de dados dentro de cada nível de variabilidade não seria eficiente para eliminar os problemas de heterogeneidade de variância, além de trazer o inconveniente de reduzir a acurácia das estimativas.

Balieiro et al. (2004) analisaram dados de 28.399 ganhos de peso do desmame ao sobreano de bovinos Nelore para verificar o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de vacas e touros utilizando a variância de cada subclasse de grupo contemporâneo para dividir em níveis de baixa, média e alta variabilidade. Os autores verificaram que as médias dos ganhos de peso do desmame ao sobreano e componentes de variância genética, residual e fenotípica incrementaram com o aumento dos níveis de variabilidade dos grupos contemporâneos e que as correlações genéticas entre os níveis de variabilidade variaram de 0,85 a 0,88, concluindo que desconsiderando-se a heterogeneidade de variância não acarretaria alterações profundas na classificação dos touros e vacas para a característica estudada.

Notter e Diaz (1993) desenvolveram procedimentos para interpretar os coeficientes de correlação e regressão envolvendo valores genéticos preditos para os mesmos animais em diferentes ambientes. Os autores observaram que a regressão do valor genético predito no ambiente 2 em relação ao valor genético predito no ambiente 1, geralmente não era influenciada pela seleção no ambiente 1, mas ambos os coeficientes de correlação e regressão eram sensíveis às covariâncias entre os valores genéticos preditos dentro do ambiente, chegando a conclusão da necessidade de precaução na interpretação de associações observadas entre os valores genéticos preditos nos dois ambientes.

Meyer (1995), ao considerar o peso a desmama de reprodutores da raça Aberdeen Angus na Austrália e Nova Zelândia como características diferentes, obteve estimativas de correlação genética direta e materna de 0.97 e 0.82, respectivamente. Os valores indicam que o desempenho, nas duas regiões, foi influenciado pelos mesmos genes, não se observando interação genótipo x ambiente para essa característica.

Ferreira et al. (2001) estudaram o desempenho de bovinos Nelore nas fases pré-desmama, desmama e pós-desmama de duas fazendas de regiões distintas do estado de Minas Gerais (Sul e Noroeste) e não evidenciaram efeito da interação genótipo x ambiente até a desmama ( $r_g = 0.96$ ), porém na pós-desmama ( $r_g = 0.53$ ) houve efeito da interação. Os autores sugerem avaliação regional para escolha de reprodutores Nelore e utilizar o peso pós-desmama como critério de seleção.

Ao avaliar o efeito da interação touro x rebanho em 30.789 registros de animais Nelore, nascidos em doze fazendas de três Estados do Sudeste e Centro-Oeste brasileiro, Eler et al. (2000) encontraram efeito da interação sobre o peso ao nascer (6 % da variância fenotípica), e sobre os componentes de variância e covariância e, conseqüentemente, sobre os parâmetros genéticos. Para peso a desmama os autores encontraram menor efeito da interação (1% da variância fenotípica), porém, com alteração nos componentes de variância e covariância. Concluíram os autores que a interação touro x rebanho foi pequena, mas suficiente para alterar a magnitude e o sinal da correlação entre os efeitos direto e materno.

Interações entre genótipo e o ambiente foram encontradas por Morris et al. (1993), ao trabalharem com 161 touros, de 11 raças diferentes, avaliando os desempenhos reprodutivo e produtivo de bezerros em quatro locais diferentes da Nova Zelândia e encontrando correlações genéticas para bezerros desmamados por vaca e taxa de eficiência de produtividade do peso da vaca iguais a 0,44 e 0,77, respectivamente.

Fridrich et al. (2005), ao avaliarem a interação genótipo x ambiente para os pesos aos 205 (P205) e 365 (P365) dias de idade de bovinos da raça Tabapuã nas diversas regiões brasileiras, observaram efeito da interação genótipo x ambiente para P205 somente nas combinações que envolveram a região Nordeste e as regiões Sul e Sudeste, e para P365 o efeito da interação genótipo x ambiente foi evidenciado em todas as combinações que incluíram a região Nordeste, além de observar mudança na classificação dos touros nas diversas regiões para ambas as características estudadas.

Simonelli et al. (2004) verificaram a ocorrência da interação genótipo x ambiente por meio das correlações genéticas entre as regiões e similaridade genética entre as regiões para os pesos ao desmame, ano e sobreano de bovinos Nelore criados em cinco regiões do estado do Mato Grosso do Sul. Os autores encontraram correlações genéticas entre as cinco regiões muito baixas, as correlações genéticas e maternas para peso aos 205 dias de idade variaram de 0,04 a 0,14 e 0,021 a 0,24, respectivamente. Para pesos aos 365 e 550 dias de idade, as correlações genéticas variaram de 0,02 a 0,12 e 0,055 a 0,12, respectivamente. Os autores encontraram similaridade genética entre regiões média a alta, independente da heterogeneidade de variância e concluíram que houve o efeito da interação genótipo x ambiente entre as regiões estudadas.

Toral et al. (2004) encontraram evidências da interação genótipo x ambiente para os pesos ao nascimento, à desmama, aos 12 e aos 18 meses de idade de bovinos Nelore criados nas microrregiões de Alto Taquiri, Campo Grande e Pantanal, MS.

Alencar et al. (2005) estudaram o efeito da interação touro x época de nascimento sobre os pesos à desmama, aos 12 meses de idade, o ganho de peso diário da desmama aos 12 meses de idade e o desempenho com base em um índice de componentes principais envolvendo essas três características de um rebanho da raça Canchim. Os autores encontraram interação significativa e sugeriram que as avaliações genéticas e a seleção dos animais desse rebanho devem considerar essa interação.

Ribeiro (2006) estudou o efeito da interação genótipo x ambiente sobre os pesos à desmama, sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano de 45.697 animais da raça Nelore, provenientes de dois rebanhos da região oeste de São Paulo e um rebanho do Mato Grosso do Sul. Os coeficientes de correlação genética encontrados variaram de 0,82 a 1,00. O autor sugere pequena ou nenhum efeito de interação genótipo x ambiente nos rebanhos estudados.

### 2.2.2. Resultados observados da interação genótipo x ambiente em bovinos de leite

Boettcher et al. (2003) avaliaram o efeito da interação genótipo x ambiente sobre características leiteiras de rebanhos no Canadá, cujos animais estavam sujeitos a dois manejos de pastejo, rotacional intensivo de pastagens e o convencional ("free-stall") que contam com estocagem de alimento. As estimativas de herdabilidades da produção de leite foram maiores nos rebanhos com manejo convencional e menor efeito da interação genótipo x ambiente sobre todas as características que apresentaram correlações iguais ou maiores que 0,90. Entre as características de produção, a correlação genética foi menor para produção de gordura ( $0,88 \pm 0,04$ ). Esses resultados demonstram que a interação genótipo x ambiente não foi importante para características avaliadas nos dois tipos de manejos e que os animais podem ser avaliados, com alta acurácia, com base nos programas de classificação nacional, sem necessidade de dividir o programa de avaliação para os dois tipos de manejos empregados.

Rorato et al. (1994) estudaram o efeito da interação genótipo x ambiente sobre características leiteiras de animais Holandês no estado do Paraná. Os autores dividiram o estado em quatro regiões distintas (A, B, C e D), conforme as condições climáticas da região. As regiões A, B e C apresentaram condições climáticas semelhantes, com verão fresco e ocorrência freqüente de geadas severas durante o inverno e chuvas distribuídas ao longo do ano, e a região D com temperaturas médias mais altas e chuvas concentradas num período de 6 meses. Os valores das herdabilidades encontradas foram 0,68 e 0,28 (BC) e 0,36 e 0,33 (BD) e coeficiente de correlação genética de 0,36 (BC) e 0,25 (BD) indicam que as filhas de um mesmo touro apresentaram desempenhos diferenciados nos diferentes ambientes, caracterizando-se a existência da interação genótipo x ambiente.

Houri Neto (1996) estudou o efeito da interação genótipo x ambiente e a avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa no Brasil e nos Estados Unidos da América e observou que no Brasil, a utilização de touros selecionados para

produção de leite, a partir de avaliação genética feita sob condições ambientais norte-americanas, deveria levar em consideração a importância da interação genótipo x ambiente, já que foi observada baixa correlação genética (0,60) entre países. O autor observou também que a alta correlação genética entre os valores genética de reprodutores, obtida entre as produções de leite acumulada em várias lactações e em primeira lactação, permitiria que a seleção fosse feita mais rapidamente utilizando-se apenas as primeiras lactações de suas filhas.

Rorato et al. (1998) encontraram efeito significativo da interação genótipo x ambiente em bovinos de leite da raça Holandesa no Brasil para os níveis de baixa-média ( $r_g = 0,22$ ), baixa-alta (0,46) e em menor grau para média-alta (0,69) produção de leite/lactação. Os autores sugerem que se deve ter cautela ao selecionar sêmen para o rebanho, devendo o produtor levar sempre em consideração as condições de ambiente em que o animal será criado.

Ao verificar o efeito da interação reprodutor x rebanho e a inclusão desse efeito no modelo, sobre a acurácia da avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, Araújo et al. (2001) verificaram maiores estimativas de  $h^2$  na classe de alto desvio-padrão fenotípico, concluindo, assim, que grande parte da heterogeneidade de variância entre os rebanhos ocorreu em função de fatores genéticos, razão pela qual, nesta situação, a interação reprodutor x rebanho seria pouco efetiva no controle da heterogeneidade de variância. As correlações genéticas, para produção de leite ajustada para 305 dias de lactação e idade adulta, entre as classes de desvios-padrão, foram próximas da unidade, o que indica que os reprodutores seriam classificados de forma similar independentemente se a informação de suas filhas fosse proveniente de rebanhos envolvidos em sistemas de alta ou baixa produtividade.

Torres (1998) ressalta que os efeitos da heterogeneidade de variância sobre a resposta à seleção dependem das diferenças em variância genética aditiva entre as classes e de suas relações com as variâncias fenotípicas. Dessa forma, a seleção pelo desempenho, sem considerar a variabilidade dentro de grupo, seria falha, pois sob seleção intensa, o ambiente de

maior variação contribuiria com maior número de animais, caracterizando assim a interação genótipo x ambiente.

Zwald et al. (2003) estudaram a importância da interação genótipo x ambiente em bovinos leiteiros cruzados nos trópicos. Os autores observaram médias de produção de leite similares para as vacas F1 e vacas provenientes de retro-cruzamentos, sendo que a correlação entre as médias dos dois grupos encontradas foi igual a 0,90, indicando evidências de interação genótipo x ambiente entre os genótipos e ambientes considerados.

Calus e Veerkamp (2004) estimaram a sensibilidade ambiental do mérito genético para características de produção de leite, considerados como parâmetros ambientais e investigaram o impacto da combinação dessas características com diferente sensibilidade ambiental em um índice econômico. Os autores verificaram que rebanhos com alta produção de proteína, alta persistência, idade mais jovem ao parto, melhor escore corporal, intervalo de partos curto e com pico de parição no outono e inverno tiveram as maiores variâncias para as características de produção e também concluíram que são esperados maiores benefícios com o uso de touros com maior mérito genético e seleção de animais baseados nesses rebanhos. Os efeitos de escala para produção de leite, proteína e gordura foram consideráveis, porém comparáveis, indicando diferenças na sensibilidade ambiental entre essas características e que a ausência da reclassificação dos animais baseada na característica simples, não significa que a interação genótipo x ambiente seja importante e que os efeitos de escala podem ser facilmente explicados pelo ajuste dos dados.

Cerón-Munoz et al. (2004) verificaram a existência da interação genótipo x ambiente na produção de leite de bovinos da raça Holandesa do Brasil e da Colômbia, e encontraram correlação genética igual a 0,74, evidenciando, dessa forma, a interação genótipo x ambiente. Os autores sugerem que cada país estruture seus próprios programas de avaliação genética.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Material

As informações utilizadas nesse estudo são de 46.408 animais Nelore, nascidos entre 1975 e 2000, provenientes de 530 rebanhos dos diversos estados brasileiros incluídos no Controle de Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira de Criadores da Raça Zebu (ABCZ) e cedidos pela Embrapa Gado de Corte, localizada em Campo Grande – MS.

As características estudadas foram peso padronizado aos 90 (P90) dias de idade, peso a desmama padronizado para 205 dias de idade (P205), peso padronizado aos 365 dias de idade (P365). Os pesos foram padronizados por interpolação e para evitar possíveis “outliers”, foram eliminados os dados fora da amplitude de  $\pm$  três desvios-padrão.

O pacote estatístico SAS (*Statistical Analysis System*), 1997, foi utilizado para auxiliar na formação dos cinco arquivos básicos que foram analisados.

Os cinco arquivos formados foram:

- arquivo 1, denominado “fim”, continha os dados do animal, vaca, região e grupo contemporâneo (consideradas variáveis inteiras), idade da vaca ao parto (covariável) e os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade (sendo a covariável e os pesos considerados variáveis reais);
- arquivo 2, denominado “fimanov”, continha os dados do animal, touro, vaca, região, ano de nascimento, estação de nascimento, sexo e idade da vaca ao parto (covariável) e os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade;
- arquivo 3, denominado “fim205”, continha os dados do animal, vaca, grupo contemporâneo, idade da vaca ao parto e os pesos aos 205 dias de idade, considerados como características diferentes em cada região;
- arquivo 4, denominado “fim365”, continha os dados do animal, vaca, grupo contemporâneo, idade da vaca ao parto e os

pesos aos 365 dias de idade, considerados como características diferentes em cada região;

- arquivo 5, denominado "pedigree", continha os dados recodificados do animal, do touro e da vaca, formado para facilitar a composição da matriz de parentesco (rotina MTDFNRM.FOR) do pacote estatístico MTDFREML.

O arquivo 1 denominado “fim”, foi constituído apenas das informações de animais criados exclusivamente a pasto e recebendo suplementação mineral. Em razão do pequeno número de animais no ano de 1975, os animais nascidos nesse ano foram agrupados com os animais nascidos no ano de 1976. Foram eliminados dos arquivos animais com dados incompletos, sem informação dos pais e com pesos fora da amplitude normal.

Os estados foram agrupados em 5 regiões distintas (1-Sul, 2-Sudeste, 3-Centro-Oeste, 4-Nordeste e 5- Norte). Em seguida, foram criadas duas estações de nascimento, de acordo com as épocas das águas e das secas das regiões. Em razão das regiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste e Norte apresentarem as épocas das secas (abril - setembro) e das águas (outubro - março) muito semelhantes não houve necessidade de subdivisões. Já a região Nordeste, como apresenta diferenças climáticas bem evidentes, foi subdividida em duas regiões distintas somente para organizar as estações de nascimentos: região 4a – compreendendo os estados de PE, AL, SE, BA e região 4b - MA, PI, CE, RN, PB. A região 4a apresentou período chuvoso compreendido entre os meses de abril – setembro e das secas de outubro – março e a 4b apresentou período chuvoso compreendido entre os meses de dezembro a junho e das secas de julho a novembro. Após organizadas as estações de nascimento, as regiões 4a e 4b foram novamente reagrupadas.

Foram também definidos os "touro de conexão", isto é, touros com número mínimo de três progênes em cada uma de duas ou mais regiões.

Os grupos contemporâneos são grupos de animais do mesmo sexo e criados em mesmas condições de ambiente (manejo, alimentação, mesma estação de nascimento, etc). Os grupos

contemporâneos (GC) foram formados por ano de nascimento, propriedade, estação de nascimento e sexo, totalizando 4.490 grupos contemporâneos. As regiões que apresentavam número de GC menor do que três foram eliminadas.

As análises estatísticas dos pesos ajustados às idades-padrão foram realizadas com o auxílio do procedimento *Generalized Linear Models* (GLM) do pacote estatístico SAS (Statistical..., 2001). Na tabela 2 encontram-se algumas estatísticas descritivas das características da amostra estudada nas regiões.

Tabela 2. Estatística descritiva dos arquivos com informações de pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade

Variáveis	Características		
	P90	P205	P365
Nº animais	46408	46408	46408
Nº animais na A <sup>-1</sup>	59507	59507	59507
Média ± DP	95,99 ± 16,39	167,73 ± 27,43	218,85 ± 36,66
CV%	17,08	16,35	16,75

A<sup>-1</sup> = Matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco é igual para todos os arquivos.  
DP = Desvio-padrão; CV = Coeficiente de variação.

Com o intuito de verificar a existência da interação touro x região por análise de variância, foi criado um arquivo denominado “fimanov” (arquivo 2), constituído exatamente dos mesmos animais do arquivo 1, porém, sem o efeito do grupo contemporâneo e propriedade, e, com a inclusão das variáveis touro, ano de nascimento, estação de nascimento e sexo.

Os arquivos 3 e 4 foram gerados a partir do arquivo 1 para avaliar o efeito da interação genótipo x ambiente sobre as características analisadas nas diversas regiões brasileiras, para isso, os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade foram considerados como características distintas em cada uma das regiões.

Nos arquivos 3 e 4, permaneceram somente os touros com número mínimo de três progênies em cada uma de duas ou mais regiões e os GC que se repetiam mais de três vezes pelo menos.

Os arquivos assim formados foram constituídos, respectivamente, de 642, 26.716, 13.738, 3.746 e 1.566 animais nas regiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste, Norte e Nordeste, respectivamente. Em decorrência do volume de análise a ser realizado, o peso aos 90 dias de idade foi eliminado do arquivo de análise para determinação da interação genótipo x ambiente.

Na tabela 3 encontram-se algumas estatísticas descritivas das características da população estudada.

Tabela 3: Estatística descritiva do arquivo 3 (“fim205”) e 4 (“fim365”) nas diversas regiões estudadas

Item	Sul	Sudeste	Centro-oeste	Norte	Nordeste
Nº animais	642	26.716	13.738	3.746	1.566
Nº animais na A <sup>-1</sup>	59.507	59.507	59.507	59.507	59.507
Média ± DP P205	168,46 ± 23,8	167,76 ± 28,1	167,11 ± 26,8	167,20 ± 24,6	173,75 ± 28,9
Média ± DP P365	211,77 ± 33,3	219,85 ± 36,7	217,18 ± 36,6	215,25 ± 34,7	227,88 ± 39,9
CV% - P205	14,15	16,75	16,10	14,70	16,66
CV% - P365	15,70	16,69	16,86	16,10	17,54

A<sup>-1</sup> = Matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco é igual para todos os arquivos.  
DP = Desvio-padrão; CV = Coeficiente de variação.

### 3.2. Métodos

#### 3.2.1. Modelo para avaliação da interação touro x região por intermédio da análise de variância

Para verificar o efeito da interação touro x região (ITR), sobre as características nas

$$y_{ijklm} = \alpha + T_i + R_j + TR_{ij} + E_k + A_l + S_m + b_1 (X_{ijklm} - \bar{X}) + b_2 (X_{ijklm} - \bar{X})^2 + e_{ijklmm};$$

em que;

$y_{ijklm}$  = peso do animal m, nascido no ano l, na estação k, na região j e filho do touro i;

$\alpha$  = constante;

$T_i$  = efeito fixo do touro i, com  $i = 1, 2, \dots, 555$ ;

$R_j$  = efeito fixo da região j, com  $j = 1, 2, \dots, 5$ ;

$TR$  = efeito da interação touro x região;

$E_k$  = efeito fixo da estação de nascimento k, com  $k = 1$  e  $2$ ;

$A_l$  = efeito fixo do ano de nascimento do animal l, com  $l = 1, 2, \dots, 25$ ;

$S_m$  = efeito fixo do sexo m, com  $l = 1, 2$ ;

$X_{ijklm}$  = idade da vaca ao parto;

$b_1$  = coeficiente linear de regressão para idade da vaca ao parto;

$b_2$  = coeficiente quadrático de regressão para idade da vaca ao parto;

$e_{ijklmm}$  = erro aleatório associado a cada observação.

A fim de verificar o efeito da ITR, somente essa interação touro x região foi considerada no modelo, as demais interações simples e duplas foram desconsideradas no modelo. As características sexo, estação de nascimento e região foram incluídas no modelo a fim de verificar sua importância sobre os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade para a formação do grupo contemporâneo.

#### 3.2.2. Estudo da interação genótipo x ambiente utilizando correlações

Para estimação dos componentes de (co)variância e predição dos valores genéticos, utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita aplicado a modelo

diversas regiões brasileiras, foram realizadas análises estatísticas utilizando-se o método de quadrados mínimos por meio do procedimento *Generalized Linear Models* (GLM), do pacote estatístico SAS (Statistical..., 1997), de acordo com o seguinte modelo:

animal, usando o programa *multiple trait derivative-free restricted maximum likelihood* (mtdfreml), desenvolvido por Boldman et al. (1995).

Foram utilizados dois critérios de convergência. O primeiro critério utilizado foi o valor da predição de variância do simplex para localizar o mínimo de  $-2 \text{ Log } L$  (em que  $L$  = função de máxima verossimilhança)  $10^{-6}$  em modelos com múltiplos parâmetros e o segundo critério adotado foi que não houvesse alteração no valor das estimativas do simplex  $-2 \text{ Log}$  de verossimilhança  $10^{-9}$  em quatro repetições sucessivas. A cada convergência o programa foi reiniciado, usando os valores obtidos na análise anterior como valores iniciais ("starting values").

Para testar o efeito de interação genótipo x ambiente (IGA), dois modelos estatísticos foram propostos, um para análise unicaracterística e outro para análise bicaracterística. O modelo estatístico unicaracterística geral (1) considerou os efeitos fixos de grupo contemporâneos e região, a idade da vaca ao parto foi considerada como covariável (efeitos linear e quadrático) e os efeitos aleatórios: genético aditivo direto e genético aditivo materno. O modelo bicaracterística (2) considerou o efeito fixo de GC, a idade da vaca ao parto como covariável (efeito linear e quadrático) e os efeitos aleatórios: genético aditivo direto, genético aditivo materno. Nesse modelo, os pesos foram considerados como características distintas em cada região.

Os efeitos da interação genótipo x ambiente foram obtidos pelas correlações genéticas entre

cada peso, considerado como característica distinta nas várias regiões.

Os dados foram analisados considerando-se uma característica por vez (análise unicaracterística) e de duas em duas características (análise bicaracterística).

### 3.2.2.1. Modelo unicaracterística

Em termos matriciais, o modelo foi descrito da seguinte forma:

$$y = Xb + Zu + Wm + e, \text{ modelo 1;}$$

em que,

$y$  = vetor de observações de características medidas nos indivíduos;

$X, Z$  e  $W$  = matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios;

$b$  = vetor de efeitos fixos incluindo GC, região e a idade da vaca ao parto como covariável;

$u$  = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos diretos do animal;

$m$  = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos maternos;

$e_i$  = vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

As seguintes premissas foram adotadas:

$$E(y) = Xb; E(u) = 0; E(m) = 0;$$

$$\text{Cov}(u, m) = Z'R^{-1}W; \text{Cov}(u, e) = 0;$$

$$\text{Cov}(m, e) = 0;$$

$$V(y) = ZGZ' + WMW' + 2Z'GW + R1;$$

$V(u) = G\sigma^2$ , sendo  $G$  matriz não singular conhecida, das variâncias e covariâncias dos efeitos em  $u$  e  $\sigma^2$  escalar conhecido.

$V(m) = M\sigma^2$ ; sendo  $M$  matriz não singular conhecida, das variâncias e covariâncias dos efeitos em  $m$  e  $\sigma^2$  escalar conhecido.

$V(e) = R\sigma^2$ , em que  $R$  é a matriz não singular conhecida das variâncias e covariâncias dos efeitos residuais. Neste caso,  $V(e) = I\sigma^2$ .

Os vetores  $b, u$  e  $m$  são associados às observações que constam no vetor  $y$  por meio das matrizes de incidência  $X, Z$  e  $W$ , respectivamente. O sistema de equações do modelo misto (MME), desenvolvido por Henderson (1975) sob modelo animal, utilizado

para estimação de efeitos fixos e predição dos aleatórios está apresentado a seguir:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+k_1 & Z'R^{-1}W+k_2 \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z+k_2 & W'R^{-1}W+k_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \\ W'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

em que;

$$k_1 = A^{-1} \otimes \alpha_1, \quad k_2 = A^{-1} \otimes \alpha_2, \quad k_3 = A^{-1} \otimes \alpha_3$$

$$\begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 \\ \alpha_2 & \alpha_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix};$$

e sendo,

$$G_1 = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{bmatrix} \text{ e } G^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix}$$

Admitiu-se que a matriz de resíduos ( $\sigma^2_e$ ), era diagonal em análises unicaracterística, sendo sua ordem equivalente ao número de animais,  $u$  é o vetor correspondente ao desempenho produtivo dos animais,  $m$  é o vetor correspondente aos efeitos maternos dos animais e  $e$  o vetor de erros aleatórios temporários de ambiente, admitindo-se que  $u$  e  $e, m$  e  $e$  não são correlacionados. Os dados de "pedigree" dos animais foram incluídos na matriz  $G$  de parentesco dos animais por intermédio dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre animais do pedigree.

### 3.2.2.2. Modelo bicaracterísticas

Para as análises bicaracterísticas, a estrutura das equações reportadas anteriormente sofreu algumas alterações quanto as suas dimensões, em razão de duas características serem consideradas simultaneamente para análise.

Desta forma, para as análises bicaracterística adotou-se o modelo:

$$y = Xb + Zu + Wm + e, \text{ modelo 2;}$$

que pode ser expresso da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que,

$y_i$  = vetor de observações da característica  $i$ ;  $i = 1, 2$

$b_i$  = vetor de efeitos fixos da característica  $i$ ;  $i = 1, 2$

$u_i$  = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos diretos do animal para a característica  $i$ ;

$m_i$  = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos maternos para a característica  $i$ ;

$e_i$  = vetor dos erros aleatórios associados a cada observação da característica  $i$ ;

$X_i, Z_i$  e  $W_i$  = matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios para a característica  $i$ ;  $i = 1, 2$ .

$$\begin{bmatrix} X'R^1X & X'R^1Z & X'R^1W \\ Z'R^1X & Z'R^1Z+k_1 & Z'R^1W+k_2 \\ W'R^1X & W'R^1Z+k_2 & W'R^1W+k_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^1Y \\ Z'R^1Y \\ W'R^1Y \end{bmatrix}$$

em que;

$$y = \begin{bmatrix} \hat{y}_1 \\ \hat{y}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{b} = \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{m} = \begin{bmatrix} \hat{m}_1 \\ \hat{m}_2 \end{bmatrix},$$

$$X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, \quad Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}, \quad W = \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix},$$

$$k_1 = G_1 \otimes A^{-1}, \quad k_2 = G_2 \otimes A^{-1}, \quad k_3 = G_3 \otimes A^{-1}$$

sendo;

$$G_1 = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix}, \quad G_2 = \begin{bmatrix} g^{13} & g^{14} \\ g^{23} & g^{24} \end{bmatrix} \text{ e } G_3 = \begin{bmatrix} g^{33} & g^{34} \\ g^{43} & g^{44} \end{bmatrix}$$

Admitiu-se que:

$$\text{var} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ m_3 \\ m_4 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & g_{13}A & g_{14}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & g_{23}A & g_{24}A & 0 & 0 \\ g_{31}A & g_{32}A & g_{33}A & g_{34}A & 0 & 0 \\ g_{41}A & g_{42}A & g_{43}A & g_{44}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & r_{11} & r_{12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

$g_{ii}$  e  $g_{ij}$  são elementos da matriz de variância e covariância genética (G) e  $g_{ij}$  é a covariância genética aditiva entre as características  $i$  e  $j$ , em que  $i = 1, 2$  refere-se ao efeito genético direto das características 1 e 2, e  $j = 3, 4$  referem-se ao efeito materno das características 1 e 2; e  $r_{ij}$  são elementos da matriz de variância e covariância residual (R).

O sistema de equações do modelo misto (MME), desenvolvido por Henderson (1975) sob modelo animal, utilizado para estimação de efeitos fixos e predição dos aleatórios para a análise bicaracterística está apresentado a seguir:

### 3.2.2.3. Classificação dos reprodutores

Os valores genéticos dos reprodutores foram estimados por região após serem preditos em análise bicaracterística nas diversas regiões. Foram obtidos quatros valores genéticos diferentes para cada região em análise bicaracterística, em função disso, foi feita uma média do valor genético dos reprodutores em cada uma das regiões e, em seguida, para avaliar o efeito da interação genótipo x ambiente sobre a seleção dos animais, foram classificados os reprodutores com no mínimo 150 filhos e que apresentaram os melhores desempenhos (valor genético) por região, totalizando 62 reprodutores.

### 3.2.2.4. Correlação de postos de Spearman

Após a obtenção dos valores genéticos dos animais em análise bicaracterística, calculou-se a correlação de postos (Spearman) que é outra estatística utilizada para o estudo da interação genótipo x ambiente. Essa correlação mede a associação entre os postos de classificação dos animais para os pares de características. Por meio desta estatística pôde-se avaliar a magnitude da interação.

As análises de variância realizadas para avaliar o efeito da interação touro x região sobre os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade são apresentadas nas tabelas 4, 5 e 6. As médias, desvios-padrão e os coeficientes de variação foram respectivamente:  $95,99 \pm 14,27$  kg e 14,86% (P90),  $167,73 \pm 23,55$  kg e 14,04% (P205) e  $218,85 \pm 30,83$  kg e 14,09% (P365).

As médias obtidas foram maiores do que as de Eler et al. (1989) que encontraram média de 150 kg (P205) e 205 kg (365), e foram próximas às obtidas por Marcondes et al. (2002), Ferraz Filho et al. (2002) e por Santos et al. (2005), porém menores do que às encontradas por Conceição et al. (2005).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Análise de variância dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade e resultados descritivos das variáveis incluídas no modelo

Pode-se verificar nas análises de variâncias que todos os efeitos incluídos no modelo foram significativos ( $P < 0,0001$ ), para todos os pesos estudados.

Tabela 4. Análise de variância dos pesos aos 90 (P90) dias de idade nas diversas regiões estudadas

Características	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Quadrado Médio	F
Touro	554	353149,7803	637,4545	3,13*
Região	4	6746,7171	1686,7171	8,29*
Touro x região	948	418233,7148	441,1748	2,17*
Sexo	1	320873,8968	320873,8968	1576,19*
Estação	1	174972,1697	174972,1697	859,49*
Ano	24	182186,9784	7591,1241	37,29*
Idmp				
Linear	1	107064,8030	107061,8030	525,92*
Quadrático	1	122976,1448	122976,1448	604,08*
Erro	44873	9135048,18	203,58	
Total Corrigido	46407	12470004,06		

\* ( $P < 0,0001$ )

Tabela 5. Análise de variância dos pesos aos 205 (P205) dias de idade nas diversas regiões estudadas

Características	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Quadrado Médio	F
Touro	554	1295823,991	2339,032	4,22*
Região	4	19042,979	4760,745	8,59*
Touro x região	948	13382495,602	1405,586	2,54*
Sexo	1	1338264,671	1338264,671	2413,75*
Estação	1	262616,788	262616,788	473,67*
Ano	24	414243,906	17260,163	31,13*
Idmp				
Linear	1	162720,208	162720,208	293,49*
Quadrático	1	207208,215	207208,215	373,73*
Erro	44873	25086338,560	559,040	
Total Corrigido	46407	3492385,720		

\* ( $P < 0,0001$ )

Tabela 6. Análise de variância dos pesos aos 365 (P365) dias de idade nas diversas regiões estudadas

Características	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Quadrado Médio	F
Touro	554	2578782,865	4654,843	4,90*
Região	4	70730,122	17682,530	18,61*
Touro x região	948	2705004,614	2853,380	3,00*
Sexo	1	5431243,427	5431243,427	5715,17*
Estação	1	613931,098	613931,098	646,03*
Ano	24	445987,690	18582,820	19,55*
Idmp				
Linear	1	61596,244	61596,244	64,82*
Quadrático	1	100615,656	100615,656	105,88*
Erro	44873	42744359,97	952,54	
Total Corrigido	46407	62380180,17		

\* (P < 0.0001)

Na figura 3 e tabela 7 são apresentados, respectivamente, o efeito do ano de nascimento sobre os pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade, as equações de regressão e o número de animais em cada ano estudado. O efeito do ano de nascimento foi significativo (P<0,0001) para todos os pesos (tabelas 4, 5 e 6). As três idades apresentaram tendências de pesos, ao longo dos anos, similares.

Souza et al. (2002) também encontraram diferença no peso de animais Guzerá, entre os anos, observando melhores desempenhos no ano de 1975 e os piores desempenhos em 1996 tanto para peso à desmama quanto para os pesos aos 365 dias de idade.

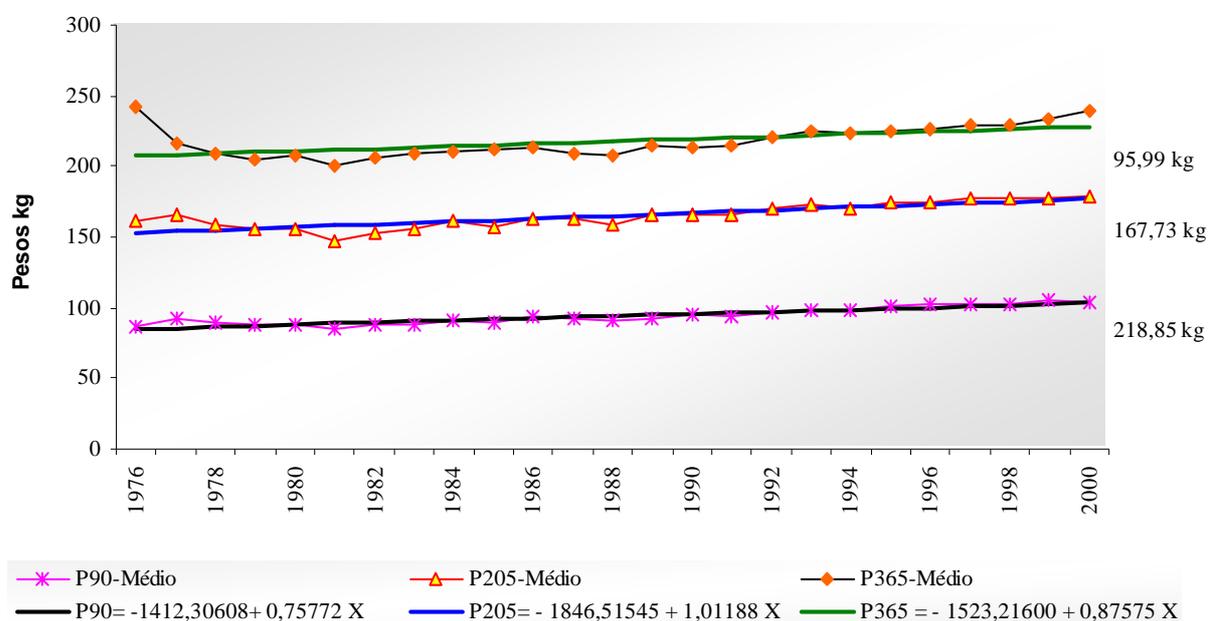


Figura 3: Efeito do ano de nascimento sobre a média anual dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade.

Tabela 7: Número de animais distribuídos ao longo dos anos

Ano	Nº animais						
-	-	1980	666	1990	3056	2000	847
-	-	1981	894	1991	3236	-	-
-	-	1982	1198	1992	2894	-	-
-	-	1983	1270	1993	3033	-	-
-	-	1984	1320	1994	3109	-	-
-	-	1985	1681	1995	3361	-	-
1976	48	1986	1870	1996	3414	-	-
1977	121	1987	2230	1997	3457	-	-
1978	256	1988	250	1998	2099	-	-
1979	415	1989	2261	1999	1195	-	-

Na figura 4 pode-se observar que os machos foram mais pesados que as fêmeas em todas as idades estudadas ( $P < 0,0001$ ). Para P90 os machos apresentaram 98,85 kg e as fêmeas 93,28 kg. Os machos foram, 5,97 % ou 5,57 kg mais pesados do que as fêmeas. Para P205 os machos apresentaram 173,42 kg e as fêmeas 162,35 kg, uma diferença de 6,82 % a favor dos machos ou 11,07 kg mais pesados do que as fêmeas e, finalmente, para P365, os machos apresentaram peso de 230,03 kg e as fêmeas 208,26 kg, sendo os machos 10,45%

ou 21,77 kg mais pesados do que as fêmeas. Os resultados estão de acordo com os obtidos por Conceição et al. 2005 que encontraram aumento gradativo na diferença do desempenho de machos e fêmeas com o avanço da idade de bovinos Nelore, porém, os valores encontrados foram em torno de 2,8% maiores do que as médias estimadas nesse estudo. Eler et al. (1989) encontraram diferenças maiores entre machos e fêmeas Nelore aos 205 (14 kg) e aos 365 (32 kg) dias de idade.

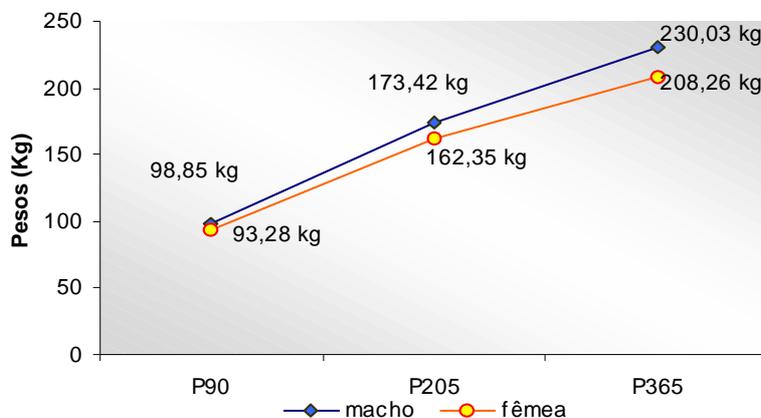


Figura 4: Efeito do sexo sobre pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade

Na figura 5 é apresentada a média dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade em cada uma das regiões estudadas. O teste de média não foi realizado em razão do elevado número de comparações que deveriam ser feitas, em decorrência da interação touro x região. A média dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de

idade, nas cinco regiões estudadas, mostra variação favorável dos animais criados na região Nordeste para ambas as idades. Para P90, a região Nordeste (99,75 kg), foi seguida das regiões Sul (96,74 kg), Norte (96,55 kg), Sudeste (95,81 kg) e Centro-Oeste (95,72 kg). Quando se considera o P205 a

ordem continua praticamente a mesma, a região Nordeste com média (173,74 kg), seguidas das regiões Sul (168,46 kg), Sudeste (167,75), Norte(167,20) e Centro-Oeste (167,11 kg). Finalmente, para P365 os animais da região Nordeste apresentaram pesos maiores em 3,65% , 4,93 % , 5,87 % e 7,61 % quando cotejados com as das regiões Sudeste, Centro-Oeste, Norte e Sul. A região Nordeste foi a região em que os animais apresentaram maiores pesos em todas as idades, provavelmente em razão do menor número de informações presentes nessa região, resultando assim, maiores médias. Martins et al. (2000) observaram média de  $190,81 \pm 37,37$  kg para P205 em bovinos Nelore no estado do Maranhão, no período de

1984 a 1994. Marcondes et al., (2002) observaram médias de peso iguais a 191,00 kg aos 240 dias de idade e 225,00 kg para P365 dias de idade de bovinos Nelore dos estados de Goiás, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, São Paulo, Mato Grosso, e Bahia, nascidos entre 1986 a 1999. O peso médio ao desmame observado por Eler et al., (2000) foi de 178,20 kg, também em bovinos Nelore, pertencentes às regiões Sudeste e Centro-Oeste brasileiro. Ferreira et al., (2001) encontraram peso médio ao desmame de  $189,38 \pm 28,25$  e  $183,63 \pm 32,76$  kg em duas fazendas do Sul de Minas no período de 1984 a 1998. 44

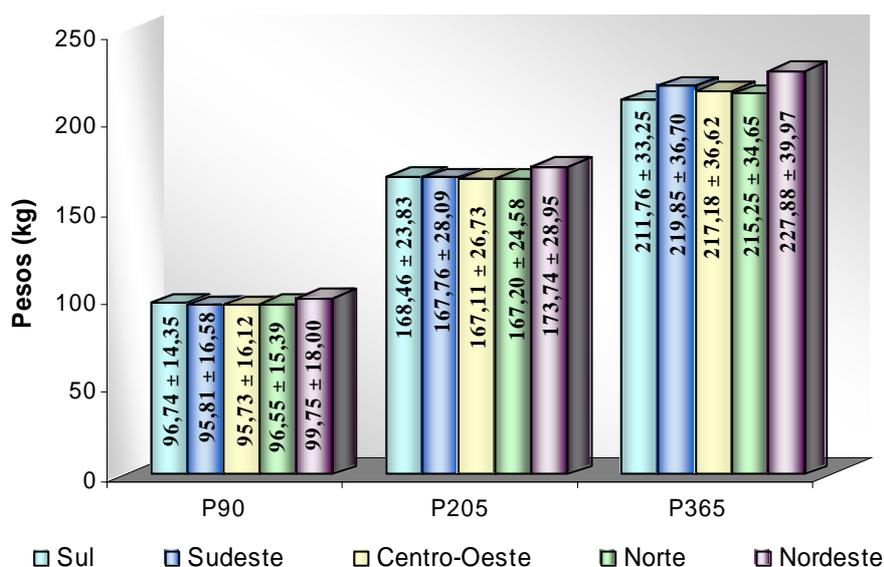


Figura 5: Média dos pesos aos 90, 205 e 365 dias de idade de animais Nelore em cada uma das regiões estudadas.

A figura 6 mostra as curvas e suas respectivas equações de regressão dos pesos aos 205 e 365 dias de idade, em relação à idade da vaca ao parto.

A idade da vaca ao parto apresentou efeito quadrático significativo ( $P < 0,0001$ ) sobre o P205 e P365. Na figura 6, observa-se que a medida que as vacas ficam mais velhas há

aumento do peso até os pontos de máximos desempenhos que ocorreu aos 9,5 anos (3467,5 dias) para P205 e 9,3 anos (3394,48 dias) para P365. Em seguida, os valores decrescem em decorrência das idades avançadas das mães. Esses valores são maiores do que os obtidos por Conceição et al. (2005), que observaram maiores pesos para P205 e P365 de animais Nelore Mocha

para filhos de vacas com 8,8 e 8,5 anos de idade, respectivamente.

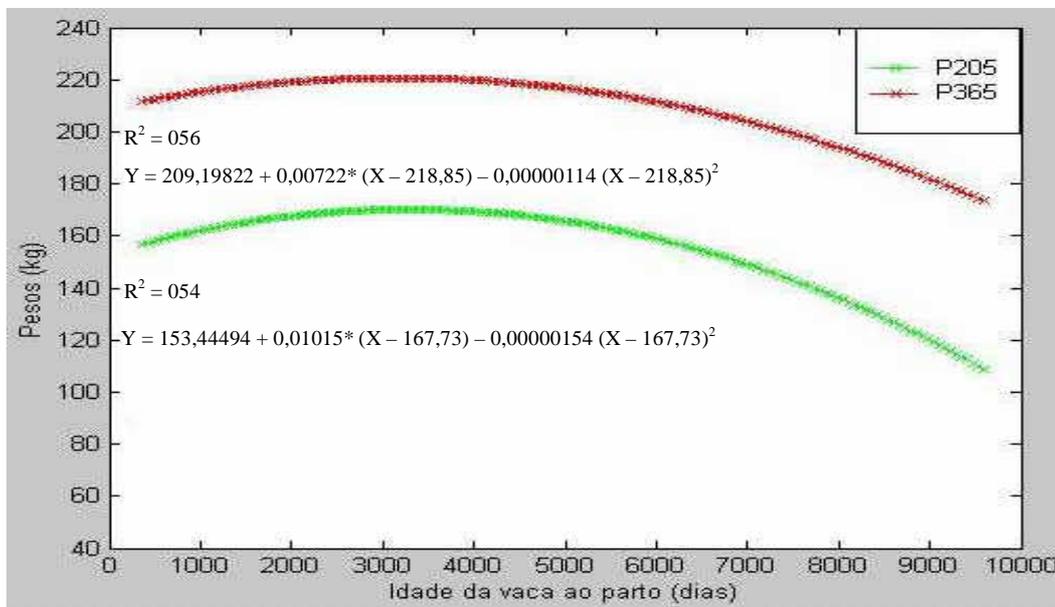


Figura 6: Efeito da idade da vaca ao parto sobre os 205 e 365 dias de idade de animais Nelore.

Na figura 7 é apresentado o efeito da estação de nascimento sobre os pesos médios aos 90, 205 e 365 dias de idade de animais Nelore. A estação de nascimento influenciou ( $P < 0,0001$ ) ambos os pesos. Os animais nascidos na época das águas apresentaram média de peso aos 90 dias de idade igual 98,11Kg e os nascidos na época da seca apresentaram peso médio igual a 93,49kg, ou seja, os nascidos na época das águas foram 4,94% mais pesados que os da época da seca. Para P205 e P365, os animais que nasceram na época das águas foram 2,64% e 2,97% mais leves e mais pesados, respectivamente. Souza et al. (2002) encontraram diferenças de peso entre

os animais nascidos nas épocas das águas e da seca, e observaram que os animais nascidos na época das águas foram 5% mais pesados para P205 e 2,4% para P365.

Os efeitos de meio variam ao longo dos anos. Quando a precipitação pluviométrica é maior, as pastagens são de melhor qualidade e mais abundantes, o que proporciona melhor desempenho dos animais. No entanto, há anos em que a precipitação é menor, com secas prolongadas e, às vezes, com ocorrência de geadas, nessas condições, as pastagens se tornam de pior qualidade e se apresentam em menor quantidade refletindo em pesos inferiores dos animais (Souza et al. 2000).

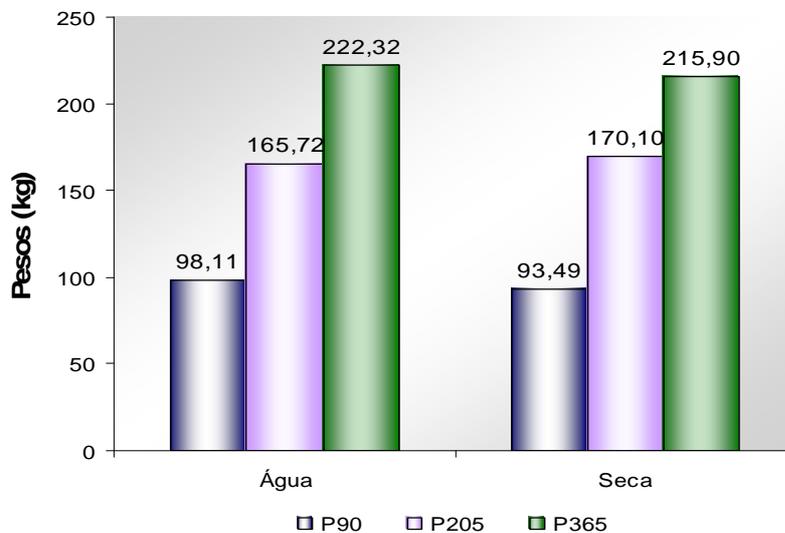


Figura 7: Efeito da estação de nascimento sobre os pesos médios aos 90, 205 e 365 dias de idade de animais Nelore.

Apresentam-se nas figuras 8a e 8b, para ilustração, o efeito da interação touro x região sobre os pesos médios aos 205 e 365 dias de idade dos filhos de dois reprodutores em cada uma das regiões.

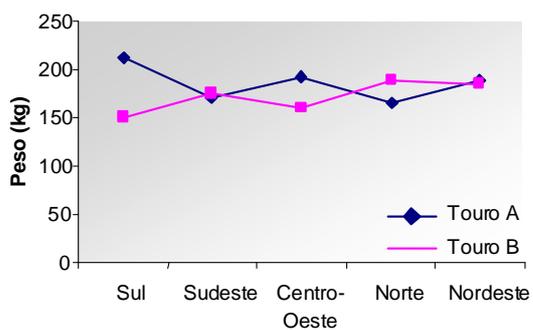


Figura 8a : Efeito da interação touro x região sobre os pesos aos 205 dias de idade de animais Nelore, utilizando o desempenho médio dos filhos dos reprodutores em cada uma das regiões.

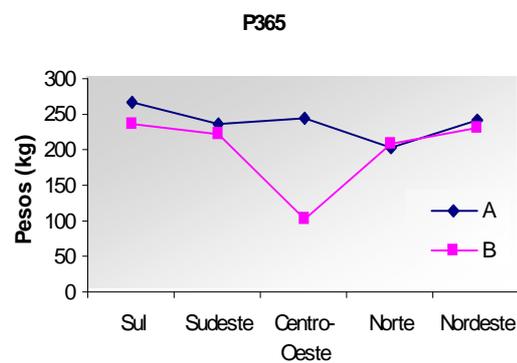


Figura 8b : Efeito da interação touro x região sobre os pesos aos 365 dias de idade de animais Nelore, utilizando o desempenho médio dos filhos dos reprodutores em cada uma das regiões.

A interação touro x região influenciou ( $P < 0,0001$ ) ambos os pesos e evidenciou (Fig. 8) que o desempenho médio dos filhos dos reprodutores depende da região. Portanto, o melhor desempenho dos filhos de determinado reprodutor em uma região não indica necessariamente melhor desempenho de seus descendentes em outra região.

Interações entre touro x região, touro x rebanho, touro x época de nascimento, entre outras, foram encontradas por diversos autores. Nobre et al. (1988) encontraram interação reprodutor x estação de nascimento, para os pesos ao nascimento, aos 205 e aos 365 dias de idade e reprodutor x fazenda para peso ao nascimento e peso aos 205 dias de idade, em bovinos Nelore. Interação touro x época de nascimento foram encontradas também por Alencar et al (2000), em bovinos Canchim. Bertrand et al. (1987) encontraram interação touro x região e touro x GC/região significante em bovinos Limousin nos Estados Unidos da América. Além destas, interações significantes entre touro x rebanho foram também encontradas por Bertrand et al. (1985), Notter et al. (1992) e Eler et al. (2000) em bovinos Polled Hereford, Angus na Austrália e Nelore no Brasil, respectivamente.

#### 4.2. Análises unicaracterística para estimação dos componentes genéticos

As médias e os desvios-padrão dos pesos P90, P205 e P365 foram  $95,99 \pm 16,39$ ,  $167,73 \pm 27,43$  e  $218,85 \pm 36,66$ , respectivamente. Pesos menores foram observados por Eler et al. (1989) para P205 (150 kg) e para P365 (205 kg).

As estimativas de variância e covariância, herdabilidades e da correlação entre os efeitos

direto e materno das análises unicaracterística são apresentadas na tabela 8.

A estimativa de variância genética materna para P90 foi maior do que a direta; para P205 não houve diferença significativa entre a variância genética direta e materna, enquanto que para P365 a variância genética materna foi menor, o que evidencia maior influência da mãe até a desmama.

As estimativas de herdabilidades direta e materna do P205 (0,22 e 0,22) e P365 (0,18 e 0,12) foram maiores do que as reportadas por Ferraz Filho et al. (2002) com bovinos Nelore, 0,16 e 0,10 (P205) e 0,17 e 0,03 (P365) e por Fridrich (2003) em bovinos da raça Tabapuã nas diversas regiões brasileiras (0,15 e 0,20) para P205, porém, semelhante para herdabilidade direta de P365 (0,19). Eler et al. (1989) e Gunski et al., (2001) encontraram estimativas de herdabilidade direta maiores, ambos trabalhando com bovinos Nelore (0,24 e 0,26 para P205 e 0,29 e 0,30 para P365), já Holanda et al., (2004), ao trabalharem com bovinos Nelore, encontraram estimativas do P205 menores, tanto para herdabilidade direta quanto materna.

As correlações entre os efeitos direto e materno foram iguais a -0,39 (P90), -0,45 (P205) e 0,21 (P365) e indicam existência de antagonismo entre esses efeitos. Portanto, se a seleção for realizada para melhorar o efeito materno, espera-se menores desempenhos de animais em ambas as idades, atribuídos à ação genética aditiva.

Tabela 8: Componentes<sup>1</sup> de variância e covariância, herdabilidades direta e materna e correlação entre os efeitos direto e materno dos pesos aos 90 (P90), aos 205 (P205) e aos 365 (P365) dias de idade

Características	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{am}$	$h_a^2$	$h_m^2$	$r_{am}$
P90	25,72	27,83	168,93	125,71	-10,33	0,15	0,16	-0,39
P205	97,09	97,01	450,00	299,32	-43,42	0,22	0,22	-0,45
P365	122,30	82,41	683,45	499,39	-20,65	0,18	0,12	-0,21

<sup>1</sup> $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_e^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $h_a^2$ ,  $h_m^2$ ,  $r_{am}$  são, respectivamente, componentes de variância aditiva direta, aditiva materna, fenotípica, residual e de covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno, herdabilidades direta e materna, e correlação entre os efeitos direto e materno, respectivamente.

Estes resultados estão de acordo com os encontrados por Gunski et al. (2001), Ferraz Filho et al. (2002) e Fridrich (2003) quanto a existência de antagonismo entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno para pesos ao nascer, aos 205 e 365 dias de idade. Ferraz Filho et al. (2002) encontraram valores semelhantes aos encontrados nesse estudo, -0,42 (P205) e -0,20 (P365) em bovinos Nelore.

#### 4.3. Análises bicaracterísticas de pesos corporais (geral)

As estimativas de (co) variâncias, herdabilidades direta e materna, bem como a correlação genética das características estudadas e obtidas em análises bicaracterística, são apresentadas nas tabelas 9 e 10.

Tabela 9. Estimativas dos componentes<sup>1</sup> de variância (diagonal) e covariância (fora da diagonal) dos pesos ao 90 (90), aos 205 (p205) e aos 365 (p365) dias de idade, em análises bicaracterística

P90 / P205								
	a1	a 2	m1	m2	p1	p 2	e 1	e 2
a1	31,86							
a 2	46,81	91,42						
m1	-9,55	-2,49	26,03					
m2	-6,77	0,44	31,82	53,89				
p 1	-	-	-	-	170,91			
p 2	-	-	-	-	146,55	449,16		
e 1	-	-	-	-	-	-	122,57	
e 2	-	-	-	-	-	-	72,55	303,39

P90 / P365								
	a1	a 2	m1	m2	p1	p 2	e 1	e 2
a1	53,81							
a 2	67,79	149,00						
m1	-41,06	-28,37	52,63					
m2	-30,67	-0,75	49,29	61,52				
p 1	-	-	-	-	175,37			
p 2	-	-	-	-	136,21	694,92		
e 1	-	-	-	-	-	-	109,99	
e 2	-	-	-	-	-	-	48,65	485,15

P205 / P365								
	a1	a 2	m1	m2	p1	p 2	e 1	e 2
a1	87,06							
a 2	68,49	118,67						
m1	-17,15	31,98	74,00					
m2	16,73	-0,80	31,39	65,60				
p 1	-	-	-	-	448,35			
p 2	-	-	-	-	262,51	684,21		
e 1	-	-	-	-	-	-	304,44	
e 2	-	-	-	-	-	-	138,27	500,74

<sup>1</sup> a1, a2, m1, m2, p1, p2, e 1, e 2 = efeitos aditivos direto, aditivo materno, fenotípico, residual para as características 1 e 2, respectivamente.

Quando foram considerados os P90 e P365, verificou-se que os valores obtidos nas análises

uni (tabela 8) e bicaracterística (tabelas 9 e 10) foram diferentes (principalmente os referentes a

$\sigma_a^2$  do P90), observando-se substancial aumento da  $\sigma_a^2$  para ambas características nas análises bicaracterística, o que também indica a existência de variabilidade genética para esta característica. Apesar disto, as estimativas dos parâmetros genéticos e de ambiente não variaram substancialmente, possivelmente em razão do número elevado de registros. Tendência semelhante foi observado nas demais análises bicaracterísticas.

De modo geral, as estimativas de herdabilidade direta das análises bicaracterística foram semelhantes às das análises unicaracterística.

Vale destacar que, com a incorporação do P90 em análise conjunta com P365, as estimativas de herdabilidades direta e materna do P90 aumentaram de 0,15 e 0,16 em análise unicaracterística (tabela 8) para 0,31 e 0,30, respectivamente, em análise bicaracterística (tabela 10). Uma provável razão para esse aumento é a contribuição do efeito materno até a desmama. Eler et al. (2000) também observaram mudanças nas estimativas de herdabilidade quando compararam análises uni e bicaracterística.

Tabela 10. Estimativas de herdabilidades do efeito direto da característica 1 e 2 ( $h_a^2$  1,  $h_a^2$  2), efeito materno da característica 1 e 2 ( $h_m^2$ ,  $h_m^2$  2) e correlações genéticas ( $r_g$ ) entre peso aos 90 (p90), aos 205 (p205) e aos 365 (p365) dias de idade, em análises bicaracterística

Parâmetros genéticos	Características incluídas nas análises		
	P90 / P205	P90 / P365	P205 / P365
$h_a^2$ 1	0,19	0,31	0,19
$h_a^2$ 2	0,20	0,21	0,17
$h_m^2$ 1	0,15	0,30	0,17
$h_m^2$ 2	0,12	0,09	0,10
$r_g$	0,87	0,76	0,67

As correlações genéticas encontradas foram de média a altas (0,87) P90/P205; 0,76 (P90/P365) e 0,67 (P205/P365), o que sugere que a seleção para uma das características resulta em resposta correlacionada favorável, e no mesmo sentido, para a outra característica. Esses valores foram maiores que os encontrados por Fridrich (2003), em bovinos da raça Tabapuã, 0,63 (PN/P205), 0,52 (PN/P365) e 0,53 (P205/P365), e por Machado et al. (1999), em bovinos Nelore, -0,02 (PN/P205), 0,11 (PN/P365), porém, os autores encontraram valor para P205/P365 (0,71) maior do que o obtido neste estudo. Valores mais elevados para P205/P365 foram encontrados também por Ferraz Filho et al. (2002): 0,81 e por Santos et al. (2005): 0,90

para as raças Tabapuã e Nelore Mocho, respectivamente.

#### 4.4 Análises unicaracterística dos pesos aos 205 e 365 dias de idade, em cada uma das regiões estudadas.

As estimativas de variância e covariância, herdabilidades e correlação genética entre os efeitos direto e materno dos pesos aos 205 (P205) e aos 365 (P365) dias de idade, em cada uma das regiões, são apresentadas na tabela 11 e 12.

Tabela 11: Variâncias genéticas aditivas diretas ( $\sigma_a^2$ ), genéticas aditivas maternas ( $\sigma_m^2$ ), fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ), covariância entre os efeitos genéticos direto e materno ( $\sigma_{am}$ ), herdabilidade direta ( $h_a^2$ ) e materna ( $h_m^2$ ) e correlação entre os efeitos direto e materno ( $r_{am}$ ) obtidas em análises unicaracterística do peso aos 205 (P205) dias de idade, em cada uma das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

Características	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{am}$	$h_a^2$	$h_m^2$	$r_{am}$
P205 (S)	2,69	69,52	388,33	329,80	-13,69	0,01	0,18	-1,00
P205 (SE)	<b>74,13</b>	<b>77,53</b>	<b>465,71</b>	<b>334,85</b>	<b>-20,81</b>	<b>0,16</b>	<b>0,17</b>	<b>-0,27</b>
P205 (CO)	<b>125,92</b>	<b>116,69</b>	<b>437,59</b>	<b>254,58</b>	<b>-59,61</b>	<b>0,29</b>	<b>0,27</b>	<b>-0,49</b>
P205 (N)	83,76	115,90	394,84	233,57	-38,39	0,21	0,29	-0,39
P205 (NE)	57,20	31,41	355,59	283,11	-15,96	0,16	0,09	-0,38

Tabela 12: Variâncias genéticas aditivas diretas ( $\sigma_a^2$ ), genéticas aditivas maternas ( $\sigma_m^2$ ), fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ), residuais ( $\sigma_e^2$ ), covariância entre os efeitos genéticos direto e materno ( $\sigma_{am}$ ), herdabilidade direta ( $h_a^2$ ) e materna ( $h_m^2$ ) e correlação entre os efeitos direto e materno ( $r_{am}$ ) obtidas em análises unicaracterística do peso aos 365 (P365) dias de idade, em cada uma das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO) Norte (N) e Nordeste (NE)

Características	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_{am}$	$h_a^2$	$h_m^2$	$r_{am}$
P365 (S)	26,94	94,44	537,59	416,17	0,04	0,05	0,18	0,00
P365 (SE)	<b>91,39</b>	<b>62,36</b>	<b>705,65</b>	<b>544,49</b>	<b>7,41</b>	<b>0,13</b>	<b>0,09</b>	<b>0,10</b>
P365 (CO)	<b>189,76</b>	<b>111,75</b>	<b>652,63</b>	<b>414,98</b>	<b>-63,85</b>	<b>0,29</b>	<b>0,17</b>	<b>-0,44</b>
P365 (N)	136,82	46,35	678,79	480,26	15,36	0,20	0,07	0,19
P365 (NE)	32,94	55,68	569,04	503,52	-23,10	0,06	0,10	-0,54

As estimativas de (co) variância e componentes genéticos variaram muito em todas as regiões para ambas as características. Essa grande variação pode ter ocorrido em razão do número diferente de informações em cada região. Na região Centro-Oeste (CO), que apresenta o segundo maior número de animais, foram observados maiores valores da  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$  para ambas as características P205 (125,92 e 116,69) e P365 (189,76 e 111,75), já na região Sul (S) foi observada menor  $\sigma_a^2$ , tanto para P205 (2,69) quanto para P365 (26,94).

As análises na região Sul (S) forneceram valores atípicos para as (co) variâncias e componentes genéticos dos animais, mas esta foi a região que apresentou o menor número de animais.

Os valores das correlações entre os efeitos direto e materno para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, em cada região, foram, respectivamente, iguais a: -1,00 e 0 (S), -0,27 e

0,10 (SE), -0,49 e -0,44 (CO), -0,39 e 0,19 (N) e -0,38 e -0,54 (NE). Valores positivos foram encontrados somente para P365 nas regiões Sudeste (SE) e Norte (N), possibilitando maior progresso genético pela seleção. O valor extremo observado na S (-1,00) deve ser analisado com reserva, em razão do baixo número de informações existentes para esta região. Valor extremo desta correlação (zero) foi observado para o peso aos 365 dias de idade na região Sul. Nota-se que essas estimativas foram de baixa precisão. Estas correlações ( $r_{g_{am}}$ ) foram negativas para P205 em todas as regiões e P365 nas regiões Centro-Oeste e Nordeste, evidenciando antagonismo entre os efeitos direto e materno. Nesse caso, a seleção para incrementar o efeito materno poderia causar redução nos pesos dos animais e vice-versa.

Correlações entre efeitos genéticos direto e materno negativas para P205 (-0,70) e P365 (-0,74) foram encontradas por Ribeiro et al. 2001, ao trabalharem com bovinos Nelore no Estado da Paraíba. Na região Sul para P365 a correlação ( $r_{g_{am}}$ ) foi igual a zero, o que indica uma dissociação entre os efeitos direto e

materno. Fridrich et al. (2005) encontraram correlações ( $rg_{am}$ ) iguais a zero nas regiões Centro-Oeste e Nordeste para a característica P205 e Sul para P365, ao trabalharem com bovinos Tabapuã.

De modo geral, as estimativas de herdabilidade direta foram menores do que as herdabilidades maternas para P205, e o inverso ocorreu para P365, o que indica grande influência do efeito materno sobre o peso 205 dias de idade, uma vez que existe maior dependência do bezerro em relação às suas mães até a desmama.

As estimativas de  $h^2_a$  para P205 foram semelhantes às encontradas por Souza et al. (2003), ao trabalharem com bovinos Nelore em oito regiões brasileiras e por Fridrich et al. (2005) para P205 nas regiões Sul e Sudeste em bovinos Tabapuã. O valor da  $h^2_a$  foi menor nas regiões S para P205 e S e NE para P365, possivelmente em razão do aumento da  $\sigma^2_e$  que foi proporcionalmente maior do que a  $\sigma^2_a$  para essas regiões. As regiões Norte (N) e Centro-Oeste (CO) para P205 apresentaram maiores estimativas de  $\sigma^2_a$  e  $h^2_a$ , sugerindo que a seleção baseada no peso à desmama seria mais efetiva nessas regiões.

As estimativas de  $h^2_a$  para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, em modelo unicaracterística geral, foram 0,22 e 0,18, respectivamente (tabela 8). Já quando se considera o peso em cada região, as estimativas de  $h^2_a$  para P205 variaram de 0,01 a 0,29 (tabela 11) encontrando a maior diferença desta estimativa para a região Sul (0,01). Para P365, as  $h^2_a$  variaram de 0,05 a 0,18 (tabela 18) com maior variação encontrada nas regiões Sul (0,05) e Nordeste (0,06). As estimativas de  $h^2_m$  para P205 e P365 foram, respectivamente, 0,22 e 0,12 (tabela 8) e quando se considera o peso em cada região as estimativas de  $h^2_m$  variaram de 0,09 a 0,29 para P205 (tabela 11), apresentando a região Nordeste (0,09) a maior variação entre as regiões. Para P365 as estimativas de  $h^2_m$  variaram de 0,07 a 0,18, com maior variação desta estimativa nas regiões Sul (0,18) e Norte (0,07). As correlações entre os efeitos genéticos direto e materno ( $rg_{am}$ ) em análise unicaracterística dos pesos aos 205 e 365 dias de idade foram -0,45 e -0,21, respectivamente. Essas correlações ( $rg_{am}$ ) em análises unicaracterísticas dos pesos em cada região

variaram de -0,27 (SE) a -1,00 (S) para P205 e de -0,54 (NE) a 0,19 (N) para P365. Toda essa variação deveu-se ao número de animais considerados nas análises que diminuiu consideravelmente de um modelo em que os pesos são considerados de um modo geral, para um modelo em que cada peso foi considerado como uma característica distinta em cada região. As maiores variações encontradas dos parâmetros genéticos foram justamente as que envolveram as regiões que apresentaram o menor número de animais, S (642) e NE (1566). Além do número de indivíduos envolvidos na análise, o ambiente é outro fator que, certamente, teve considerável influência na variação encontrada.

Fridrich (2003) encontrou mudanças significativas dos pesos aos 205 e 365 dias de idade em modelo unicaracterística geral e unicaracterística dos pesos em cada região. Apesar da variação observada nas estimativas de parâmetros genéticos para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, os valores se encontram na faixa de variação apresentada na literatura para bovinos Nelore.

#### 4.5. Análises bicaracterística dos pesos aos 205 e 365 dias de idade, consideradas como características diferentes, em cada uma das regiões estudadas.

As estimativas das (co)variâncias genéticas aditivas direta e materna, fenotípicas e residuais de P205 e P365, consideradas características distintas nas diversas regiões, são apresentadas nas tabelas 13, 14, 15 e 16, respectivamente.

Em geral, ocorreu ampla variação nas estimativas de variâncias e covariâncias genéticas direta, materna e fenotípica, tanto para o P205 quanto para o P365 em análises conjuntas, considerando-se cada uma das características como característica distinta nas combinações de pares de regiões estudadas. Isto ocorreu, possivelmente, em razão da expressiva variação no número de informações disponíveis em cada região. Notam-se poucas observações disponíveis nas regiões S, N e NE quando

cotejadas com o número de informações disponíveis nas regiões SE e CO.

Considerando as estimativas de variâncias direta, materna, ambiente e fenotípica para P205 e P365 quando analisados separadamente para cada região e em análise conjunta, verifica-se que tanto a região SE quanto a região CO, apresentaram pouca ou quase nenhuma variação nestas estimativas. Para P205, as  $\sigma_a^2$  nas regiões SE e CO foram iguais a 74,13 e 125,92 (tabela 11), respectivamente, e em análise conjunta SE/CO (tabela 13) as  $\sigma_a^2$  foram 89,46 (SE) e

128,75 (CO). Para P365, as  $\sigma_a^2$  nas regiões SE e CO foram iguais a 91,39 e 189,76 (tabela 12), respectivamente, e, em análise conjunta SE/CO (tabela 15), as  $\sigma_a^2$  foram 104,68 (SE) e 181,92 (CO). As  $\sigma_m^2$  para P205 foram iguais a 77,53 (SE) e 116,69 (CO) (tabela 11), e em análise conjunta SE/CO (tabela 13), as  $\sigma_m^2$  foram 87,79 (SE) e 127,21 (CO). Para P365, as  $\sigma_m^2$  foram iguais a 62,36 (SE) e 111,75 (CO), e, em análise conjunta SE/CO (tabela 15), as  $\sigma_m^2$  foram 61,88 (SE) e 117,05 (CO).

Tabela 13. Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta (a1-a2) e materna (m1-m2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 205 (P205) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

S e SE				S e CO					
a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2		
a1	69,37			a1	53,02				
a2	63,37	78,54		a2	52,31	126,52			
m1	-69,86	-58,71	126,07	m1	-81,32	-100,89	130,60		
m2	-28,94	-32,94	91,26	88,71	m2	60,54	-60,06	95,87	117,18
S e N				S e NE					
a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2		
a1	53,54			a1	37,21				
a2	60,65	122,95		a2	43,73	83,28			
m1	-81,32	-100,89	125,09	m1	-65,12	-70,68	115,11		
m2	-58,01	-90,53	95,87	159,20	m2	-57,61	-84,44	97,74	97,97
SE e CO				SE e N					
a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2		
<b>a1</b>	<b>89,46</b>			a1	80,48				
<b>a2</b>	<b>98,35</b>	<b>128,75</b>		a2	76,46	80,28			
<b>m1</b>	<b>-34,35</b>	<b>-59,58</b>	<b>87,79</b>	m1	-25,97	-8,67	79,78		
<b>m2</b>	<b>-49,48</b>	<b>-69,69</b>	<b>102,71</b>	<b>127,21</b>	m2	-42,28	-47,31	59,27	125,69
SE e NE				CO e N					
a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2		
a1	77,36			a1	130,19				
a2	79,94	119,41		a2	95,10	89,20			
m1	-23,85	-33,80	79,79	m1	-65,84	-13,45	121,23		
m2	-60,75	-94,47	71,90	104,31	m2	-106,82	-50,52	102,55	126,01
CO e NE				N e NE					
a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2		
a1	113,52			a1	95,64				
a2	40,09	126,73		a2	72,96	141,71			
m1	-30,69	-96,87	94,97	m1	-54,20	-127,26	129,36		
m2	26,54	-107,45	96,48	137,32	m2	-93,05	-127,56	103,87	129,94

As  $\sigma_p^2$  para P205 foram iguais a 465,71 (SE) e 437,59 (CO), tabela 11, e em análise conjunta SE/CO (tabela 14) as  $\sigma_p^2$  foram 469,73 (SE) e 439,12 (CO). Para P365, as  $\sigma_p^2$  foram iguais a 705,65 (SE) e 652,63 (CO), e em análise conjunta SE/CO (tabela 16) as  $\sigma_p^2$  foram 708,62 (SE) e 651,62 (CO). Finalmente, as  $\sigma_e^2$  para

P205 foram iguais a 334,85 (SE) e 254,58 (CO), tabela 11, e em análise conjunta SE/CO (tabela 14), as  $\sigma_e^2$  foram 326,83 (SE) e 252,85 (CO). Para P365, as  $\sigma_e^2$  foram iguais a 544,49 (SE) e 414,98 (CO) (tabela 12), e em análise conjunta SE/CO (tabela 16), as  $\sigma_e^2$  foram 537,47 (SE) e 418,12 (CO).

Tabela 14. Estimativas de variâncias fenotípica (p1-p2) e residual (e1-e2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 205 (P205) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

S e SE				S e CO					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	400,70				p1	397,76			
p2	-268,07	332,31			p2	-204,03	437,87		
e1	-	-	275,13		e1	-	-	295,46	
e2	-	-	-268,07	332,31	e2	-	-	-271,50	254,24
S e N				S e NE					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	410,48				p1	392,10			
p2	-181,51	405,13			p2	-202,37	362,06		
e1	-	-	131,17		e1	-	-	304,89	
e2	-	-	-258,57	213,50	e2	-	-	-279,69	265,24
SE e CO				SE e N					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
<b>p1</b>	<b>469,73</b>				p1	468,37			
<b>p2</b>	<b>-127,03</b>	<b>439,12</b>			p2	-171,14	395,69		
<b>e1</b>	-	-	<b>326,83</b>		e1	-	-	334,08	
<b>e2</b>	-	-	<b>-273,55</b>	<b>252,85</b>	e2	-	-	-281,40	237,03
SE e NE				CO e N					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	466,58				p1	438,52			
p2	384,92	370,19			p2	248,14	396,59		
e1	-	-	333,28		e1	-	-	252,93	
e2	-	-	280,36	240,95	e2	-	-	110,63	231,89
CO e NE				N e NE					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	437,61				p1	397,91			
p2	-121,96	381,67			p2	-168,01	374,38		
e1	-	-	259,80		e1	-	-	227,11	
e2	-	-	-223,37	225,07	e2	-	-	-228,69	230,28

Tabela 15. Estimativas de variâncias genéticas aditiva direta (a1-a2) e materna (m1-m2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 365 (P365) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

S e SE					S e CO			
	a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	M2
a1	38,53				a1	59,27		
a2	51,69	89,80			a2	36,95	192,33	
m1	-5,63	-56,45	1229,01		m1	-64,29	48,61	152,90
m2	12,81	-25,15	105,32	94,08	m2	51,71	-70,84	118,05
S e N					S e NE			
	a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2
a1	118,21				a1	89,19		
a2	55,39	145,65			a2	55,69	46,89	
m1	-80,79	12,47	149,11		m1	-62,39	-4,27	143,04
m2	-90,41	-14,13	69,53	76,03	m2	-90,49	-58,27	92,06
SE e CO					SE e N			
	a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2
<b>a1</b>	<b>104,68</b>				a1	94,36		
<b>a2</b>	<b>111,64</b>	<b>181,92</b>			a2	100,41	154,73	
<b>m1</b>	<b>4,59</b>	<b>-41,82</b>	<b>61,88</b>		m1	-2,23	-43,63	72,16
<b>m2</b>	<b>1,95</b>	<b>-65,47</b>	<b>76,75</b>	<b>117,05</b>	m2	19,04	-35,66	80,98
								99,39
SE e NE					CO e N			
	a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2
a1	83,12				a1	114,44		
a2	84,34	85,34			a2	84,34	94,36	
m1	8,89	10,92	64,54		m1	-22,73	10,92	84,82
m2	-35,60	-33,97	68,66	97,85	m2	-38,70	-33,96	68,66
								90,26
CO e NE					N e NE			
	a1	a2	m1	m2	a1	a2	m1	m2
a1	187,20				a1	148,06		
a2	78,34	45,88			a2	86,55	51,26	
m1	-59,01	9,09	107,58		m1	7,61	10,22	51,88
m2	-112,36	-42,88	43,99	71,20	m2	-111,94	-65,02	1,32
								92,34

Tabela 16. Estimativas de variâncias fenotípica (p1-p2) e residual (e1-e2) (diagonal) e covariâncias (fora da diagonal), obtidas pela análise conjunta do peso aos 365 (P365) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

S e SE				S e CO					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	553,94				p1	539,24			
p2	594,87	707,34			p2	398,01	653,05		
e1	-	-	392,04		e1	-	-	391,37	
e2	-	-	459,67	539,60	e2	-	-	401,66	413,51
S e N				S e NE					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	551,43				p1	546,92			
p2	266,46	681,28			p2	483,58	571,72		
e1	-	-	364,91		e1	-	-	377,07	
e2	-	-	180,50	473,74	e2	-	-	417,04	491,05
SE e CO				SE e N					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
<b>p1</b>	<b>708,62</b>				p1	706,50			
<b>p2</b>	<b>581,49</b>	<b>651,62</b>			p2	671,26	683,55		
<b>e1</b>	-	-	<b>537,47</b>		e1	-	-	542,22	
<b>e2</b>	-	-	<b>413,03</b>	<b>418,12</b>	e2	-	-	502,17	465,08
SE e NE				CO e N					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	709,63				p1	647,56			
p2	650,85	620,15			p2	649,30	703,25		
e1	-	-	553,08		e1	-	-	471,03	
e2	-	-	510,19	470,62	e2	-	-	510,19	552,60
CO e NE				N e NE					
	p1	p2	e1	e2		p1	p2	e1	e2
p1	652,00				p1	682,07			
p2	358,12	568,83			p2	521,21	572,71		
e1	-	-	416,22		e1	-	-	474,52	
e2	-	-	287,41	494,63	e2	-	-	484,21	494,12

As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas entre P205 e P365, quando consideradas características distintas nas

diferentes regiões, obtidas em análises bicaracterística, são apresentadas nas tabelas 17 e 18, respectivamente.

Tabela 17. Estimativas de herdabilidade direta para as características 1 ( $h^2_a 1$ ) e 2 ( $h^2_a 2$ ), herdabilidade materna para as características 1 ( $h^2_m 1$ ) e 2 ( $h^2_m 2$ ), e correlações genéticas dos efeitos genéticos diretos dos pesos aos 205 (P205) dias de idade, consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

Característica	S/SE	S/CO	S/N	S/NE	SE/CO	SE/N	SE/NE	CO/N	CO/NE	N/NE
$h^2_a 1$	0,17	0,13	0,13	0,09	<b>0,19</b>	0,17	0,17	0,30	0,26	0,24
$h^2_a 2$	0,17	0,29	0,30	0,23	<b>0,29</b>	0,20	0,32	0,22	0,33	0,38
$h^2_m 1$	0,31	0,33	0,30	0,29	<b>0,19</b>	0,17	0,17	0,28	0,22	0,33
$h^2_m 2$	0,19	0,27	0,39	0,27	<b>0,29</b>	0,32	0,28	0,32	0,36	0,35
rg	0,86	<b>0,64</b>	<b>0,75</b>	<b>0,79</b>	<b>0,92</b>	0,95	0,83	0,88	<b>0,33</b>	<b>0,63</b>

Tabela 18. Estimativas de herdabilidade direta para as características 1 ( $h^2_a 1$ ) e 2 ( $h^2_a 2$ ), herdabilidade materna para as características 1 ( $h^2_m 1$ ) e 2 ( $h^2_m 2$ ), e correlações genéticas dos efeitos genéticos diretos dos pesos aos 365 (P365) dias de idade consideradas como características distintas nas diversas combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE)

Característica	S/SE	S/CO	S/N	S/NE	SE/CO	SE/N	SE/NE	CO/N	CO/NE	N/NE
$h^2_a 1$	0,07	0,11	0,21	0,16	<b>0,15</b>	0,13	0,12	0,18	0,29	0,22
$h^2_a 2$	0,14	0,29	0,21	0,08	<b>0,28</b>	0,23	0,14	0,13	0,08	0,09
$h^2_m 1$	0,23	0,28	0,27	0,26	<b>0,09</b>	0,10	0,09	0,13	0,17	0,08
$h^2_m 2$	0,13	0,18	0,11	0,16	<b>0,18</b>	0,15	0,16	0,13	0,13	0,16
rg	0,84	<b>0,35</b>	<b>0,42</b>	0,86	<b>0,81</b>	0,83	1,00	0,81	0,85	0,99

Quando se consideram apenas dois ambientes, a interação genótipo x ambiente pode ser avaliada pela magnitude da correlação genética entre os pares de características, consideradas distintas nos dois ambientes, conforme sugeriu Falconer (1952), e é utilizada por diversos autores (Notter et al., 1992; Meyer, 1995; Ferreira et al., 2001, Fridrich et al., 2005).

As correlações genéticas encontradas para P205 e P365, ambos consideradas características distintas nas diversas regiões, foram 0,86 e 0,84, 0,64 e 0,35, 0,75 e 0,42, 0,79 e 0,86, **0,92 e 0,81**, 0,95 e 0,83, 0,83 e 1,00, 0,88 e 0,81, 0,33 e 0,85, 0,63 e 0,99 para S e SE, S e CO, S e N, S e NE, SE e CO, SE e N, SE e NE, CO e N, CO e NE e N e NE, respectivamente. Esses resultados indicam que, na desmama (P205), o efeito da interação genótipo x ambiente não foi observado somente nas combinações que envolveram a região Sudeste (SE) com as demais regiões e em CO/N, para as demais regiões o efeito da interação genótipo x ambiente foi importante. Para P365, o efeito da interação foi evidenciado somente nas combinações S/CO e S/N, nas demais regiões não houve efeito da interação genótipo x ambiente. As estimativas de correlações genéticas para a maioria das combinações de regiões foram altas, sugerindo que grande parte dos genes de ação aditiva que influenciam uma característica também influenciam as outras.

Ferreira (1999) observou correlação genética de 0,53 para peso pós-desmama, ao analisar dados de duas fazendas de regiões distintas no estado de Minas Gerais. Fridrich et al. (2005) avaliaram a existência da interação genótipo x ambiente de bovinos Tabapuã nas diversas regiões brasileiras e encontraram evidências para P205 nas combinações das regiões Sul e

Nordeste (-0,86) e Sudeste e Nordeste (0,51) e para P365 em todas as combinações envolvendo a região nordeste (-0,73, 0,45 e 0,12).

As altas correlações observadas nas tabelas 17 (0,95) para SE/N e tabela 18 para SE/NE (1,00) e N/NE (0,99), próximas ou igual a um, mesmo considerando número diferente de informações nas regiões, indicam que os mesmos grupos de genes são responsáveis pela expressão das duas características estudadas, com exceção dos pesos aos 365 dias de idade nas regiões Sul/Centro-Oeste, Sul/Norte, cujos valores baixos de correlação indicam a existência da interação genótipo x ambiente.

A magnitude das herdabilidades dos pesos diminuiu dos 205 para os 365 dias de idade, entretanto, apesar de baixas as herdabilidades mostram que, em geral, a raça Nelore apresenta variabilidade genética aditiva suficiente para que ocorra resposta à seleção baseada nesses pesos. Ferraz Filho et al. (2002) observaram a mesma diminuição da magnitude das herdabilidades com o avanço da idade.

A herdabilidade direta do P205 das regiões Sul (S) e Nordeste (NE) quando consideradas em análise conjunta com as demais regiões apresentou substancial aumento quando comparada à análise unicaracterística. Para a herdabilidade materna além das regiões Sul (S) e Nordeste (NE), a região Norte (N) também apresentou aumento na estimativa em análise conjunta. O mesmo foi observado para o P365, porém, a herdabilidade materna da região Centro-Oeste (CO) teve pequeno decréscimo nos valores de 0,17 (tabela 12) para 0,13 (tabela 18) da análise uni para análise bicaracterísticas CO/N.

Os altos valores das herdabilidades maternas para P205 sugerem que o efeito materno deve ser incluído nos modelos de avaliação genética em razão da sua expressiva participação nessa fase. As maiores estimativas  $h^2_m$  do peso aos 205 dias de idade foram encontradas nas combinações envolvendo as regiões S/CO, S/N, CO/N e N/NE, já para o peso aos 365 dias de idade, as maiores estimativas de  $h^2_m$  (tabela 18)

foram encontradas para as regiões S/SE, S/CO, S/N, S/NE, SE/CO e CO/NE.

As correlações de postos de Spearman entre os valores genéticos dos 62 reprodutores com filhos em pelo menos três regiões, obtidas em análise bicaracterística, dos pesos aos 205 e aos 365 dias de idade, são apresentadas na Tabela 19.

Tabela 19. Correlação de postos de Spearman entre os valores genéticos dos touros, obtida a partir de análises bicaracterísticas entre o par de combinações das regiões Sul (S), Sudeste (SE), Centro-Oeste (CO), Norte (N) e Nordeste (NE) para 62 touros com maiores valores genéticos

Combinação de regiões	Correlação de postos de Spearman	
	P205	P365
S/SE	0,89	0,80
S/CO	<b>0,71</b>	<b>0,73</b>
S/N	<b>0,78</b>	<b>0,78</b>
S/NE	0,82	0,84
SE/CO	<b>0,76</b>	<b>0,76</b>
SE/N	0,81	0,89
SE/NE	<b>0,79</b>	0,96
CO/N	<b>0,73</b>	0,87
CO/NE	<b>0,79</b>	0,86
N/NE	<b>0,70</b>	0,93

Os resultados das correlações de postos de Spearman, ao se considerarem P205 e P365 como características distintas nas diversas regiões, indicam que os reprodutores, em análise envolvendo pares de região, foram ordenados (geneticamente) de forma semelhante quando se consideraram as combinações das regiões S/SE, S/NE e SE/N. Porém, quando se consideraram as combinações S/CO, S/N e SE/CO, o mesmo não foi verificado. Os resultados indicaram baixas correlações de postos de Spearman 0,71 (P205) e 0,73 (P365) para S/CO, 0,78 (P205) e 0,78 (P365) para S/N e 0,76 (P205) e 0,76 (P365) para SE/CO.

Quando se considerou P205 dias de idade para as combinações S/CO, S/N, SE/CO, SE/NE, CO/N, CO/NE e N/NE, os valores das correlações foram respectivamente: 0,71, 0,78, 0,76, 0,79, 0,73, 0,79 e 0,70, o que mostra que a classificação de um destes melhores reprodutores em uma região seria diferente da realizada em outra região. Quando se considerou o peso aos 365 dias de idade, somente as combinações que envolveram as regiões S/CO, S/N e SE/CO apresentaram

correlações de postos de Spearman com valores de 0,73, 0,78 e 0,76. Esses resultados reforçam a idéia de que os reprodutores deveriam ser testados por região, principalmente quando se consideram regiões muito distintas. Sendo o Brasil um país de grande extensão territorial, como já mencionada anteriormente, as grandes diferenças climáticas e nutricionais em que os animais são submetidos em cada região podem ser responsáveis pelos diferentes desempenhos nas regiões.

Fridrich et al. (2005) encontraram correlação de postos de Spearman para P205 em bovinos Tabapuã igual a -0,81 quando consideraram a combinação das regiões Sul e Nordeste, para P365 dias de idade as correlações de posto foram iguais a -0,51 para as regiões Sul e Nordeste, 0,76 para Sudeste e Nordeste e 0,53 para as regiões Centro-Oeste e Nordeste. Esses resultados indicam que os reprodutores com melhores resultados nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste não apresentam o mesmo desempenho da região Nordeste.

Buchanan e Nielsen (1979) e Bertrand et al. (1985) observaram efeitos das interações touro × região, touro × rebanho/região e touro × GC/região sobre a ordem de classificação dos animais entre as regiões, rebanhos e GC dentro de região, quando foram analisados os pesos ao nascimento e ao desmame dos animais, respectivamente. Ao utilizarem modelos para avaliar os efeitos de touro x região e touro x rebanho/região sobre o peso ao nascer e desmame, respectivamente, Tess et al. (1979) verificaram mudanças na classificação dos animais em estudo. Resultados semelhantes foram encontrados por Bertrand et al. (1987) que observaram maior mudança na classificação entre GC dentro de região, e menor quando medida entre regiões. Matos et al. (1996) observaram, em bovinos Hereford, que a interação reprodutor x região dentro de país (Uruguai) foi grande o suficiente para causar mudanças na classificação dos reprodutores entre regiões.

Nos anexos I e II são apresentadas a ordem de classificação, o número de filhos por touro e os respectivos valores genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idades durante o período estudado.

Essas tabelas contêm os 62 animais com maiores valores genéticos e que tiveram no mínimo 150 filhos.

A ordenação dos touros, realizada por região, indicou que, dos 25 reprodutores com maior valor genético na região Sul, para peso aos 205 dias de idade, 21, 19, 20 e 22 foram os melhores nas regiões Sudeste, Centro-Oeste, Norte e Nordeste, respectivamente (anexo III). Quando consideraram os valores genéticos do peso aos 365 dias de idade, 20, 19, 19 e 21, dos 25 animais com maior valor genético da região Sul, entraram na lista dos 25 melhores animais nas regiões Sudeste, Centro-Oeste, Norte e Nordeste, respectivamente (anexo IV).

A alteração na classificação dos touros observada ocorreu em função da presença da interação genótipo x ambiente encontrada, devendo-se ter muita cautela na escolha do touro a ser utilizado, pois a escolha equivocada de um touro pode ocasionar piora no progresso genético dos animais na região.

A existência da interação genótipo x ambiente encontrada nas combinações envolvendo as regiões S, SE, CO, N e NE indicam que a inclusão da interação genótipo x ambiente nas avaliações genéticas seria de grande valia para maior progresso genético nos animais em cada região.

## 5. CONCLUSÕES

1. A análise de variância indicou interação significativa entre touro x região e, portanto, desempenho diferenciado de suas progênes nas deferentes regiões.
2. As baixas correlações genéticas indicaram que há efeito da interação genótipo x ambiente nas combinações envolvendo as regiões Sul/Centro-Oeste, Sul/Norte, Sul/Nordeste, Centro-Oeste/Nordeste e Norte/Nordeste para P205 dias de idade e Sul/Centro-Oeste e Sul/Norte para P365 dias de idade. Não se observa efeito da interação genótipo x ambiente para pesos aos 205 e 365 dias de idade quando se consideram somente as regiões Sudeste e Centro-Oeste que representam 87,17% dos dados.
3. As baixas a médias herdabilidade dos pesos aos 205 e 365 dias de idade sugerem que há resposta à seleção fenotípica para estas características.
4. Os resultados indicam a necessidade de avaliação genética regional quando se consideram regiões bastante distintas.
5. Os altos valores das estimativas de herdabilidade materna encontrados em P205 indicam a necessidade da inclusão deste efeito nos modelos de avaliação genética de bovinos Nelore.
6. As correlações genéticas estimadas indicam antagonismo entre os efeitos genéticos direto e materno para os pesos aos 205 e 365 dias de idade.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte. *Rev. Bras. Zootec.* v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- ANUALPEC 2006. *Anuário da Pecuária Brasileira*. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2006. 369p.
- ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N. et al. Interação reprodutor x rebanho na produção de leite da raça Holandesa no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.* v.30, n.3, p.992-999, 2001 (suplemento 1).
- BALIEIRO, J.C.C.; LOPES, P.S.; ELER, J.P. et al. Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: II. Análises de bicaracterística para ganho de peso da desmama ao sobreano. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, Pirassununga, 2004. Anais...Pirassununga: SBMA, 2004.
- BERTRAND, J.K.; BERGER, P.J.; WILHAM, R.L. Sire x environment interactions in beef cattle weaning weight field data. *J.Anim.Sci.* v.60, n.6, p. 1397-1402, 1985.
- BERTRAND, J.K.; HOUGH, J.D.; BENYSHEK, L.L. Sire x environment interactions and genetic correlations of sire progeny performance across regions in dam-adjusted field data. *J. Anim. Sci.* v. 64, p.77-82, 1987.
- BITENCOURT, T.C.B.S.C. Interação fazenda x touro sobre a idade ao primeiro parto em vacas da raça Nelore. 1993. 63 p. Dissertação (mestrado em zootecnia). Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- BOETTCHER, P.J.; FATEHI, J.; SCHUTA, M.M. et al. Genotype x environment interaction in conventional versus pasture-based dairies in Canada. *J. Anim. Sci.*, v. 86, p. 383-389, 2003.
- 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 variance and covariance. Lincoln : Agricultural Research Service, 1995. 120 p. [DRAFT].
- BOWMAN, J.C. *Introdução ao melhoramento genético animal*. São Paulo, EPU-EDUSP, 1981. 87 p.
- BROWN, C.J.; GACULA, M. Genotype-environment interaction in postweaning rate of gain of beef cattle. *J. Anim. Sci.* v. 21, n. 4, p. 924-926, 1962.
- BROWN, M.A.; THAREL, L.M.; BROWN, A.H. et al. Genotype x environment interaction in preweaning traits of purebred and reciprocal cross Angus and Brahman calves on common bermudagrass and endophyte-infected tall fescue pasture. *J. Anim. Sci.* v. 71, n.2, p. 326-333, 1992.
- BROWN, M.A. ; BROWN, A.H.JR; JACKSON, W.G. et al. Genotype x environment interaction in postweaning performance to yearling in Angus, Brahman and reciprocal-cross calves. *J. Anim. Sci.* v. 71, n.12, p. 3273-3279, 1993.
- BROWN, M.A.; BROWN, A.H.JR; JACKSON, W.G. et al. Genotype x environment interaction in milk yield and quality in Angus, Brahman, and reciprocal-cross cows on different forage systems. *J. Anim. Sci.* v. 79, p. 1643-1649, 2001.
- BUCHANAN, D.S.; NIELSEN, M.K.; Sire by environment interactions in beef cattle field data. *J. Anim. Sci.* v.48, n.2, p.307-312, 1979.
- BURNS, W.C. et al. Genotype by environment interaction in Hereford cattle: II. Birth and weaning traits. *J.Anim.Sci.* v.49, n.2, p.403-410, 1979.
- CALUS, M. P.L.; VEEERKAMP, R.F. Estimations of environment sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. *J. Dairy Sci.*,v.83, p. 3756-3764, 2003.
- CALUS, M.P.L.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R.F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by

- environment interactions in a reaction norm model. *Genet. Sel. Evol.* v. 36, p. 489-507, 2004.
- CAMPELO, J.E.G.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Influência da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v. 55, n.6, p.685-693, 2003.
- CARDELLINO, R.; ROVIRA, J. *Mejoramiento genético animal*. Montevideu: Hemisfério Sur, 1987. 253 p.
- CARNEIRO, A.P.S. Avaliação genética na presença de heterogeneidade de variância entre rebanhos, utilizando dados simulados. 2003. 71f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG.
- CERÓN-MUÑOZ, M.F.; TONHATI, H.; COSTA, C.N. et al. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein in cattle from Brazil and Colombia. *J. Dairy. Sci.*, v. 87, p. 2687-2692, 2004.
- CONCEIÇÃO, F.M.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C. et al. Fatores ambientais que influenciam o peso à desmama, ano e sobreano em bovinos da raça Nelore Mocha, no Sudoeste do Mato Grosso do Sul – Brasil. *Arch. Veterin.Sci.*, v.10, n. 2, p. 157-165, 2005.
- CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Rev. Brasil. Genet.* v.12, n.2, p. 567-580, 1989.
- DICKERSON, G.E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. *Anim. Prod.*, v.4, p. 47-63, 1962.
- ELER, J.P.; LÔBO, R.B.; ROSA, A.N. Influência de fatores genéticos e de meio em pesos de bovinos da raça Nelore criados no Estado de São Paulo. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 18, n. 2, p. 103-111, 1989.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genético direto e materno em bovinos da raça Nelore. *Rev. Bras. Zootec.* v. 29, n. 6, p. 1642-1648, 2000.
- FALCÃO, A. J.S.; MARTINS, E.N.; COSTA, C.N. et al. Heterocedasticidade entre estados para produção de leite em vacas da raça Holandesa, usando métodos bayesianos via amostrador Gibbs. *Rev.Bras.Zootec.*, v.35, n.2, p. 405-414, 2006.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Amer. Nat.* v. 86, p.293-298, 1952.
- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. 2<sup>nd</sup> ed. New York: Longman Group Limited, New York, 1989. 340 p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4<sup>th</sup> ed. New York: Longman Group, ESSEX, New York, 1996. 464 p.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã. *Rev. Bras. Zootec.*, v. 31, n. 2, p. 635-640, 2002.
- FERREIRA, V.C.P. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. 1999. 45f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Escola de Veterinária -Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G. et al. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v. 53, n.3, p.385-392, 2001.
- 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. et al. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v. 57, n.5, p.663-672, 2005.
- GUINSKI, R. J.; GARNERO, A.V.; BORJAS, A.R. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. *Ciência Rural.*, v.31, n.4, p. 603-607, 2001.
- HALDANE, J. B. S. *The interaction of nature and nurture.* Ann. Eugen. n.13, p. 197-205, 1946.
- HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environment conditions. *J. Anim. Sci.* v. 22, n. 2, p. 195-213, 1947.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased prediction under a selection model. *Biometrics* v.31, p.423, 1975.
- HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C. et al. Tendência genética para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. *Arch. Zootec.*, v. 53, p. 185-194, 2004.
- 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.
- JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. *Am.Nat.* v.145, p. 493-512, 1995.
- KOLMODIN, R.; STRANBERG, E.; MADSEN, P. et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. *Acta Agric. Scand., Section A, Anim. Sci.* v.52, p. 11-24, 2002.
- KOLMODIN, R.; BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modelled as a linear reaction norm. *Genet. Sel. Evol.* v. 36, p. 435-454, 2004.
- LUSH, J.L. *Animal breeding plans.* Ames. Iowa State College Press. 3<sup>rd</sup> edition. 443 p. 1945.
- MACHADO, P.F.A.; AQUINO, L.H.; GONÇALVES, T.T. Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos Nelore. *Ciênc. e Agrotec.*, v. 23, n.1, p. 197-204, 1999.
- MAGNABOSCO, C.D.; FAMULA, T.R.; LÔBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de ambiente de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, Fortaleza, 1996. Anais...Fortaleza:SBZ, 1996.
- MAIWASHE, A.N.; BRADFIELD, M.J.; THERON, H.E. et al. Genetic parameter estimates for body measurements and growth traits in south African Bonsmara cattle. *Liv. Prod. Sci.* v.75, p. 293-300, 2002.
- MARCONDES, C.R.; GAVIO, D.; BITTENCOURT, T.C.C. et al. Estudos de modelos alternativos de componentes de (co)variância e precisão de dos valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.54, p.93-99, 2002.
- MARTINS, G.A.; MARTINS FILHO, R.; LIMA, F.A.M. et al. Influência de fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore no estado do Maranhão. *Rev.Bras.Zootec.*, v. 29, n. 1, p. 103-107, 2000.
- MATOS, S.D.; BERTRAND, J.K.; HERRING, W.O. et al. Sire and maternal grandsire by environment interaction for weaning weight in a Hereford beef cattle population in Uruguay. *J. Anim. Sci.* v. 74, (Suppl. 1): 106 (Abstr.), 1996.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Estimativas de (co)variância e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um

- rebanho Nelore. *Rev. Bras. Zootec.* v.26, n. 6, p. 1124-1133, 1997.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. *Genet. Evol.*, v. 24, p. 487-509, 1992.
- MEYER, K. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. *Australian J. Agric. Res.* n. 46, p. 1219-1229, 1995.
- MORRIS, C.A.; BAKER, R.L. †; HICKEY, S.M. et al. Evidence of genotype by environment interaction for reproductive and maternal traits in beef cattle. *Anim. Prod.* v. 56, p. 69-83, 1993.
- MULDER, H.A.; BIJMA, P. Effects of genotype x environment interaction on genetic gain in breeding programs. *J. Anim. Sci.*, v.83, p. 49-61, 2005.
- NOBRE, P. R. C. et al. Interação x reprodutor x estação de nascimento e reprodutor x fazenda sobre o crescimento de bezerros Nelore. *Rev. Soc. Bras. Zoot.* v.17, n.2, p.120-131, 1988.
- NOTTER, D.R.; TIER, B.; MEYER, K. Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.* v.70, p.2359-2365, 1992.
- NOTTER, D.R.; DIAZ, C. Use of covariances between predicted breeding values to assess the genetic correlation between expressions of trait in two environment. *Genet Sel Evol.* v.25, p.353-372, 1993.
- PAHNISH, O.F.; KOGER, M.; URICK, J.J. et al. Genotype x environment interaction in Hereford cattle: III Postweaning traits of heifers. *J. Anim. Sci.* v.56, n.5, p.1039-1046, 1983.
- PEREIRA, J.C.C. 2004. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 4. Ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2004. 609 p.
- REIS, J.C.; LÔBO, R.B. *Interação genótipo-ambiente nos animais domésticos*. Ribeirão Preto: J.C.R./ R.B.L., 1991. 194p.
- RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C.; MARTINS, G.A. et al. Herdabilidade para efeitos diretos e maternos de características de crescimento de bovinos Nelore no estado da Paraíba. *Rev.Soc.Bras. Zootec.* v.30, n.4, p.1224-1227, 2001.
- RIBEIRO, S. Estudo da interação genótipos x ambiente em algumas características produtivas na raça Nelore. 2006. 72 p. - Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Pirassununga.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics.* v. 15, p. 469-485, 1959.
- RORATO, P.R.N.; RIBAS, N.P.; LOBO, R.B. et al. Interação genótipo-ambiente no desempenho produtivo de vacas da raça Holandesa no estado do Paraná. *Rev. Soc. Bras.Zootec.* , v.21, n.1, p.57-67, 1992.
- RORATO, P.R.N.; LOBO, R.B.; MARTINS FILHO, R. et al. Efeito da interação genótipo-ambiente sobre a produção de leite da raça Holandesa no estado do Paraná. *Rev. Soc. Bras.Zootec.* , v.23, n.5, p.859-869, 1994.
- RORATO, P.R.N.; VERNEQUE, R. S.; MARTINEZ, M.L. et al. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. I: Modelo de touro. *Ciência Rural*, v. 29, n. 4, p. 717-720, 1998.
- SARMENTO, J.R.S.; PIMENTA FILHO, E. C. ; RIBEIRO, M.N. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos Nelore no estado da Paraíba. *Rev. Bras.Zootec.* , v.32, n.2, p.325-330, 2003.
- SANTOS, P. F.; MALHADO, C.H.M.M.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Correlações genética, fenotípica e ambiental em característica de crescimento de bovinos da raça Nelore mocha. *Arch. Vet. Sci.*, v.10, n. 2, p. 55-60, 2005.
- SAS. *Statistical analysis system* SAS Institute, versão 6.12 para windows<sup>®</sup>, 1997.
- SIMONELLI, S.M.; MARTINS, E. N.; SAKAGUTI, E.S. et al. Interação genótipo x ambiente para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE

MELHORAMENTO ANIMAL, 5, Pirassununga, 2004. Anais...Pirassununga: SBMA, 2004.

SYRSTAD, O. Dairy cattle crossbreeding in the tropics: the importance of genotype x environment interaction. *Liv. Prod. Sci.*, v. 24, p. 109-118, 1990.

SOTO MURILO, H.W.; FAULKNER, D.B.; GIANOLA, D. et al. Sire x pasture program interaction effects on preweaning performance of crossbred beef cattle. *Liv. Prod. Sci.*, v. 33, p. 67-75, 1993.

SOUZA, J.C.; RAMOS, A.A.R.; SILVA, L.O.C. et al. Fatores do ambiente sobre o peso ao desmame de bezerros da raça Nelore em regiões tropicais brasileiras. *Ciência Rural*, v. 30, n. 5, p. 881-885, 2000.

SOUZA, J.C.; MALHADO.C.H.M.; SILVA, L.O.C. et al. Efeito do ambiente sobre o peso de bovinos da raça Guzerá no Estado de São Paulo. *Arch. Vet. Sci.*, v.7, n.1, p. 57-63, 2002.

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. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* v.11, n.2, p. 94-100, 2003.

STANTION, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. et al. Genotype by environment interaction for Holstein in milk yield in Colombia, Mexico and Puerto Rico. *J.Dairy Sci.*, v.74, p. 1700-1714, 1991.

TESS, M.W.; KRESS, D.D.; BURFENING, P.J. et al. Sire by environment interactions in Simental-sired calves. *J. Anim. Sci.* v.49, n.4, p. 964-971, 1979.

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. *Rev. Bras. Zootec.* 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. 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

TROVO, J.B. et al. Avaliações genéticas em bovinos de corte utilizando estruturas de dados não convencionais. IN: CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS, 2, 1996, Uberaba. *Anais...*, Uberaba:ABCZ, 1996. P. 107.

VAN VLECK, L.D. Genotype and environment interaction in sire evaluation. *J. Dairy Sci.* v.46, p. 983-989, 1963.

VITA, G. Nelore: Somatória de atributos espalha o boi de capim por todo o Brasil. *DBO.* ano 25, n.310, p. 110-111, 2006.

WILLHAM, R.L. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.* v. 35, n. 6, 1972.

Anexo I: Valores genéticos do peso aos 205 dias de idade dos 62 melhores touros com respectivos número de filho e ordem de classificação nas diversas regiões

Touro	Ano	Filhos	Sul		Sudeste		Centro_Oeste		Norte		Nordeste	
			VG	Posto	VG	Posto	VG	Posto	VG	Posto	VG	Posto
784279	1992	1217	3,8985	1	7,9438	3	5,3913	9	4,3230	9	5,8638	1
546696	1987	770	3,3394	2	8,8136	2	9,5064	2	7,7327	2	5,7779	2
183320	1976	1487	3,0650	3	4,6438	11	3,4934	15	4,6477	7	2,3449	19
364949	1983	1250	3,0326	4	7,0441	6	4,4893	12	4,0363	11	2,9826	11
385897	1983	331	2,6958	5	4,9820	8	5,1969	10	6,2084	3	5,3438	3
571585	1988	381	2,6433	6	4,2695	13	11,1211	1	6,0522	4	4,3099	7
306865	1981	384	2,4793	7	4,8562	10	8,1455	5	5,2083	6	4,5302	5
316049	1981	1206	2,4447	8	2,4319	20	0,4471	29	1,3729	21	1,5411	21
824679	1992	226	2,3577	9	9,5986	1	8,4630	4	2,1900	14	4,0021	8
701293	1990	427	2,0319	10	7,2113	5	6,9209	6	1,7393	17	2,7254	13
690028	1990	707	1,8078	11	2,7280	18	4,5594	11	4,2699	10	2,4104	17
808204	1992	231	1,5621	12	4,8624	9	1,7492	21	2,6214	13	1,9092	20
447470	1985	1600	1,4971	13	5,2136	7	5,4602	8	4,5166	8	4,4669	6
276908	1980	2075	1,3960	14	7,6436	4	5,9728	7	9,2445	1	4,8009	4
118472	1968	262	1,3369	15	2,1216	25	-0,1495	36	1,1426	25	2,6735	14
600581	1988	218	1,3153	16	2,9046	16	8,7385	3	2,7966	12	2,5339	16
428894	1985	198	1,2744	17	2,4837	19	-2,7595	49	0,7340	30	1,3203	24
652196	1989	288	1,1654	18	4,4362	12	3,8617	14	5,3045	5	2,4006	19
249079	1979	546	1,1504	19	1,7438	27	0,1587	34	0,1000	37	2,6034	15
476779	1986	322	1,1029	20	1,2089	31	4,2949	13	1,7220	18	3,7310	9
833891	1992	250	0,9612	21	2,3916	21	3,1396	16	1,1614	24	0,9150	27
635561	1989	212	0,9238	22	3,5360	14	2,4813	17	1,3567	22	1,3544	23
266298	1980	188	0,8893	23	1,9757	26	-2,2292	47	0,3619	34	2,7494	12
197591	1977	233	0,7237	24	1,4508	29	1,8229	20	0,6145	31	0,0186	36
375183	1983	635	0,6953	25	2,8923	17	0,0003	35	1,1331	26	-1,0046	48
502784	1986	298	0,5817	26	-1,5505	45	-1,4518	42	-2,1925	54	-0,6649	44
241026	1979	378	0,5715	27	0,5562	34	-1,9959	45	2,0784	15	0,7301	29
167335	1975	177	0,5395	28	2,2528	22	0,4142	30	1,2713	23	-0,8314	46
159437	1974	534	0,5342	29	-0,3626	38	0,1828	33	-0,7046	44	3,2965	10
172050	1975	198	0,4393	30	3,0452	15	-3,9058	58	-2,8190	57	-0,7001	45
246233	1979	368	0,4056	31	-0,2260	37	-0,3881	38	-1,7516	52	1,4048	22
535578	1987	362	0,3663	32	2,2258	23	1,1252	24	1,8823	16	-0,1184	39
156637	1974	213	0,3473	33	-2,3940	51	-4,5700	59	-3,5964	61	-2,8477	56
498074	1986	699	0,2132	34	-0,6599	39	-2,4541	48	1,0275	28	-1,0542	50
652101	1989	177	0,1954	35	1,4385	30	0,7132	28	0,8390	29	-0,0577	38
635269	1989	201	0,0939	36	1,2008	32	-1,8135	43	0,1615	36	-0,1895	40
135042	1971	239	-0,0934	37	-0,2216	36	1,0235	25	0,1976	35	0,3232	32
404495	1984	423	-0,2311	38	-1,3442	42	-0,6819	39	-1,0706	48	0,2489	34
207684	1977	444	-0,2337	39	-2,0493	49	1,4113	23	-1,0564	47	0,4097	31
150183	1973	280	-0,2864	40	-1,4579	44	1,4222	22	0,0315	39	-0,2618	41
368269	1983	300	-0,3170	41	-0,6732	40	-2,0463	46	-1,3617	50	-0,5265	42
147729	1973	337	-0,3983	42	-1,3556	43	-1,1602	41	-0,4427	41	0,0828	35
134902	1971	155	-0,4114	43	-1,7901	47	-2,8327	51	1,6741	20	-3,3640	60
270131	1980	880	-0,4766	44	0,6525	33	0,2092	32	0,0885	38	1,0689	25
340048	1982	244	-0,5847	45	-3,5904	58	-3,3454	55	1,0649	27	-1,0500	49
168586	1975	359	-0,5933	46	2,1602	24	0,2437	31	1,7177	19	0,8691	28
156745	1974	257	-0,6227	47	-2,5067	53	2,2992	19	-1,5311	51	0,9534	26
135060	1971	152	-0,7043	48	-2,4316	52	-1,9230	44	-1,0772	49	-1,4819	52
478588	1986	173	-0,7313	49	1,6381	28	2,4615	18	-0,3093	40	0,4497	30
839362	1993	165	-0,7365	50	0,1738	35	-0,8885	40	0,3966	33	-0,6493	43
218833	1978	155	-0,7489	51	-2,8625	54	-3,2781	54	-1,7557	53	-1,9289	54
180077	1976	313	-0,9301	52	-1,9845	48	-5,3873	61	-0,6542	43	-2,8501	57
219063	1978	154	-0,9369	53	-3,8322	59	-0,2315	37	-0,7191	45	-0,9876	47
598924	1988	224	-1,0797	54	-1,1435	41	0,8298	27	-0,4516	42	-0,0289	37
416774	1984	184	-1,2256	55	-3,1558	56	-3,0649	52	-1,0353	46	-1,2616	51
107808	1965	152	-1,3430	56	-1,6742	46	1,0089	26	-2,7364	56	-2,8745	58
169923	1975	820	-1,3500	57	-3,3488	57	-3,1131	53	-2,2659	55	0,3051	33
167550	1975	169	-1,6697	58	-3,0173	55	-2,8070	50	-2,9264	58	-3,2454	59
271059	1980	526	-1,7803	59	-5,4619	61	-3,3552	56	0,4862	32	-4,3835	61
347914	1982	703	-2,0558	60	-2,3143	50	-3,7115	57	-5,5294	60	-1,6162	53
198909	1977	257	-2,1548	61	-4,5759	60	-7,8213	62	-3,3201	59	-4,9671	62
39238	1984	217	-3,6033	62	-5,7475	62	-5,3205	60	-3,7771	62	-2,3994	55

Anexo II: Valores genéticos do peso aos 365 dias de idade dos 62 melhores touros com respectivos número de filho e ordem de classificação nas diversas regiões

Touro	Ano	Filhos	Sul		Sudeste		Centro-Oeste		Norte		Nordeste	
			VG	posto	VG	posto	VG	posto	VG	posto	VG	posto
364949	1983	1250	3,9651	1	6,27022	8	3,2377	15	1,3810	25	3,744938	4
276908	1980	2075	3,6376	2	8,05426	2	5,5258	8	8,9509	2	5,389285	1
546696	1987	770	3,1847	3	10,4625	1	5,5617	7	5,1859	10	5,020978	2
571585	1988	381	3,1265	4	6,28516	7	6,9050	2	8,6660	3	3,879965	3
784279	1992	1217	2,8300	5	7,61133	4	5,6821	5	6,9810	6	3,658945	5
690028	1990	707	2,6167	6	3,64896	19	5,6161	6	5,9248	9	2,31644	16
183320	1976	1487	2,5944	7	4,28261	14	4,5373	12	3,2514	14	2,955825	10
306865	1981	384	2,3513	8	5,36686	11	5,0635	10	7,7097	4	3,074325	8
502784	1986	298	2,1562	9	-2,9715	48	-3,3024	51	-1,3230	40	-1,59875	48
385897	1983	331	1,9390	10	7,45155	5	4,0132	14	6,8290	7	3,567705	6
159437	1974	534	1,6970	11	2,87219	22	7,7611	1	3,5530	13	2,671088	11
316049	1981	1206	1,6916	12	3,52468	20	1,7885	22	2,4334	18	2,153495	18
241026	1979	378	1,6428	13	3,67736	18	-0,8388	37	1,0501	27	1,52437	22
249079	1979	546	1,6393	14	3,72386	17	4,6786	11	4,6747	11	4,58966	13
118472	1968	262	1,5391	15	3,87316	16	0,7131	29	1,4386	24	2,43247	15
824679	1992	226	1,4073	16	7,79351	3	2,8559	16	2,8586	16	3,018973	9
701293	1990	427	1,1490	17	5,04727	12	2,6037	19	1,9640	20	2,158905	17
428894	1985	198	0,9863	18	-0,1386	30	0,6929	30	0,4407	29	0,821683	26
135060	1971	152	0,9853	19	-0,1737	32	0,6342	31	0,0357	32	0,141243	30
635561	1989	212	0,9109	20	4,57484	13	1,1067	26	1,8602	22	1,631243	21
447470	1985	1600	0,7932	21	5,70489	10	6,3055	4	7,1251	5	3,193118	7
600581	1988	218	0,6946	22	0,96861	24	5,3454	9	1,4870	23	0,909628	24
476779	1986	322	0,3993	23	2,9511	21	1,8520	21	3,1497	15	1,71601	20
135042	1971	239	0,3750	24	-0,5234	35	1,1484	25	0,1585	31	0,174435	28
833891	1992	250	0,3556	25	0,03081	29	6,3338	3	1,2408	26	1,059455	23
535578	1987	362	0,3521	26	3,92383	15	2,7663	17	4,5967	12	1,83995	19
340048	1982	244	0,2414	27	-0,1717	31	0,5325	32	1,9939	19	0,510488	27
652196	1989	288	0,2288	28	6,75623	6	4,4243	13	9,7095	1	2,616035	12
416774	1984	184	0,1815	29	0,3968	28	-1,4358	41	0,3106	30	0,042038	31
167335	1975	177	0,1376	30	5,98843	9	1,5184	24	6,2235	8	2,555998	14
197591	1977	233	0,0796	31	-7,1203	60	-0,7675	36	-2,3040	50	-2,46362	57
169923	1975	820	0,0516	32	-3,4295	52	-3,1161	49	-4,5692	58	-1,09353	44
156637	1974	213	-0,1427	33	-3,1265	49	-7,9060	60	-2,9856	55	-2,46285	56
498074	1986	699	-0,2278	34	-0,7181	37	0,7864	28	-1,0786	37	-0,43567	35
652101	1989	177	-0,2979	35	-2,0398	44	0,9587	27	-0,9664	36	-0,54192	36
271059	1980	526	-0,2984	36	0,80319	25	-1,5668	42	1,9301	21	-0,15005	32
368269	1983	300	-0,3403	37	-1,1248	41	0,4121	33	-1,2300	38	-0,42158	34
598924	1988	224	-0,3464	38	-0,3858	34	2,5837	20	2,6149	17	0,870793	25
635269	1989	201	-0,4118	39	-1,0967	40	-3,6229	55	-0,9038	35	-0,88778	40
404495	1984	423	-0,4230	40	-1,3843	42	-1,9704	43	-1,5211	42	-1,2019	46
134902	1971	155	-0,5850	41	2,39637	23	-6,5669	59	-0,2831	34	-0,16031	33
219063	1978	154	-0,6156	42	-2,3102	45	-0,8718	38	-2,1208	46	-0,61321	37
266298	1980	188	-0,6284	43	0,42384	27	-0,3611	35	0,6302	28	0,142813	29
150183	1973	280	-0,7428	44	-4,3226	57	-1,1284	40	-1,9926	44	-1,84751	49
246233	1979	368	-0,9071	45	0,48675	26	1,5707	23	-0,1157	33	-0,92383	41
207684	1977	444	-0,9404	46	-7,5723	62	-3,7701	56	-7,8938	62	-2,96163	60
478588	1986	173	-1,0067	47	-0,5436	36	-3,5171	54	-4,5874	59	-0,86524	39
808204	1992	231	-1,1013	48	-0,9943	39	-3,3124	52	-2,4454	51	-1,01342	43
375183	1983	635	-1,1521	49	-1,8778	43	-2,9980	48	-2,2486	48	-2,01041	51
180077	1976	313	-1,4350	50	-3,7958	54	-2,2588	46	-2,2848	49	-2,03042	52
218833	1978	155	-1,5040	51	-5,2203	58	-1,0908	39	-2,0108	45	-2,11688	53
147729	1973	337	-1,5064	52	-3,7585	53	-2,1430	45	-2,6231	52	-2,45365	55
167550	1975	169	-1,5626	53	-5,2328	59	-3,2376	50	-3,1147	56	-2,59939	59
347914	1982	703	-1,7478	54	-3,3933	51	-3,9420	57	-2,2344	47	-2,34849	54
399238	1984	217	-1,9448	55	-6,1738	61	-12,0895	62	-7,4268	61	-3,80944	62
168586	1975	359	-1,9665	56	-0,9882	38	-2,0133	44	-1,6067	43	-0,81484	38
198909	1977	257	-2,0429	57	-3,3436	50	-4,8171	58	-2,6524	53	-2,46878	58
156745	1974	257	-2,5784	58	-2,324	46	2,7012	18	-1,3026	39	-1,35081	47
270131	1980	880	-2,6766	59	-0,3536	33	-2,8147	47	-3,1641	57	-0,99517	42
839362	1993	165	-2,9624	60	-2,4795	47	-3,3569	53	-2,7855	54	-1,16444	45
107808	1965	152	-3,0569	61	-3,9255	55	0,3576	34	-1,4030	41	-1,99927	50
172050	1975	198	-3,1140	62	-4,1955	56	-8,8366	61	-6,9010	60	-3,17843	61