



Interação genótipo-ambiente para peso ao sobreano em cinco estados brasileiros utilizando Inferência Bayesiana¹

Iara Del Pilar Solar Diaz², Francisco Ribeiro de Araújo Neto³, Henrique Nunes de Oliveira⁴, Diego Barrozo⁵, Raysildo Barbosa Lôbo⁶, Luis Antônio Framartino Bezerra⁷

¹Parte da dissertação de mestrado da primeira autora, financiada pela FAPESP.

²Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal. Bolsista da FAPESP. e-mail: iarasolar@hotmail.com

³Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal. Bolsista da CAPES. e-mail: netozoo@hotmail.com

⁴Professor titular do departamento de Nutrição e Melhoramento Animal, FMVZ/UNESP. e-mail: hnunes@fca.unesp.br

⁵Mestrando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal. Bolsista da CAPES. e-mail: diego.barrozo@yahoo.com.br

⁶Professor associado, FMRP – USP, Ribeirão Preto, SP. e-mail: rayblobo@fmrp.usp.br

⁷Departamento de Genética da FMRP- USP, Ribeirão Preto, SP. e-mail: lafbezerra@fmrp.usp.br

Resumo: Com o objetivo de investigar o efeito da interação genótipo-ambiente (IGA) sobre o peso ao sobreano (P450), foram analisados registros de animais da raça Nelore localizados em cinco estados brasileiros (Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais). Através de uma análise multicaracterística, foram obtidos os componentes de (co)variância utilizando inferência bayesiana, sendo a IGA verificada através da correlação genética. As correlações genéticas foram significativas somente entre os estados Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, indicando a existência da interação genótipo-ambiente.

Palavras-chave: amostrador de gibbs, análise multicaracterística, bovinos de corte

Genotype by environment interaction in 450 days weight on five brazilian states using Bayesian Inference

Abstract: Aiming to study the genotype environment interaction (GEI) on yearling weight, animals from different herds of Nelore cattle raised in five Brazilian states (Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais) were used. The (co)variance components were obtained by bayesian method using multiple-trait models, also the GEI was found by the genetic correlation. The correlation estimates were significant only between Goiás and Mato Grosso, Goiás and Minas Gerais, São Paulo and Minas Gerais and between Mato Grosso do Sul and Minas Gerais. The low genetic correlations indicate the existence of genotype environment interaction.

Keywords: beef cattle, gibbs samples, multiple-trait models

Introdução

A ênfase que é dada às características de importância econômica deve ser ajustada, considerando-se não só situações específicas de mercado, mas também condições ecorregionais. As condições oferecidas por cada região devem ser consideradas nas avaliações dos animais e desta maneira pode-se chegar a valores que condizem com a real produção daquele animal naquele ambiente. No caso do Brasil, quando levamos em consideração o seu vasto território e as diferenças ambientais entre as regiões, é bem provável que estes efeitos sejam significativos. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a existência da interação genótipo-ambiente entre cinco estados da região sudeste e centro-oeste para o peso ao sobreano, utilizando inferência bayesiana.

Material e Métodos

Dados de 99.366 animais provenientes da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), foram utilizados a fim de estimar os parâmetros genéticos necessários para a determinação da importância do efeito da interação genótipo - ambiente em cinco estados brasileiros (Goiás - 1; Mato Grosso - 2; São Paulo - 3; Mato Grosso do Sul - 4 e Minas Gerais - 5), pertencentes a região sudeste (São Paulo e Minas Gerais) e a região centro-oeste (Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul). Neste estudo foram utilizados animais com manejo igual a 1 (manejo exclusivo de pastagem) e animais nascidos a partir de

1991. Foram montadas quatro estações de nascimento: verão (janeiro a março); outono (abril a junho); inverno (julho a setembro); primavera (outubro a dezembro). Para a montagem dos grupos de contemporâneos foi utilizado o procedimento GLM (SAS, 2008). O melhor grupo de contemporâneo foi formado a partir da concatenação das seguintes informações: fazenda atual e fazenda de origem, ano de nascimento, estação de nascimento, sexo, manejo e lote de manejo. Grupos de contemporâneos com menos de nove observações foram retirados da análise, bem como os dados discrepantes dos grupos de contemporâneos, restando assim um banco de dados com 75.941 observações. Os componentes de (co)variância foram obtidos por meio do programa gibbs2f90, desenvolvido por Misztal (2007).

Por meio de análise multicausal obteve-se os componentes de (co)variância, onde a mesma característica em cada estado foi considerada como característica distinta. O modelo para peso ao sobreano (P450) incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos e os aleatórios de valores genéticos e residual do animal. Para a análise multicausal foram geradas cadeias de Gibbs de 1.040.032 iterações com descarte inicial de 50.000 iterações e intervalo de amostragem a cada 100 iterações. Posteriormente foi realizado um estudo pós Gibbs através do programa Gibanal (Van Kaan, 1998), para verificar a convergência e dependência entre as amostras. Valores de correlações genéticas menores que 0,80 foram consideradas como interação genótipo-ambiente significativa.

Resultados e Discussão

Valores para o peso ao sobreano diferem entre os cinco estados analisados (Tabela 1). Apesar do pequeno número de observações encontradas para o estado de Minas Gerais, este estado e São Paulo foram os que apresentaram maiores médias para o peso ao sobreano. Isto provavelmente se deve ao fato dos dados serem provenientes de fazendas onde os animais são mais adaptados a condição climática e de manejo, expressando melhor o seu potencial genético.

Tabela 1 Número de observações e peso médio, para o peso ao sobreano (P450) da raça Nelore nos cinco estados brasileiros.

	Número de observações	Peso médio (kg)
Goiás	16.011	254,09
Mato Grosso	10.637	260,09
São Paulo	19.777	280,44
Mato Grosso do Sul	22.408	268,52
Minas Gerais	7.108	288,35
Total	75.941	269,26

As estimativas das herdabilidades e das correlações estão descritas na Tabela 2. As médias posteriores dos coeficientes de herdabilidade foram altas para o peso ao sobreano em todos os estados, confirmando que a seleção realizada em qualquer um dos estados pode ser efetiva. Entretanto, os valores variaram entre si demonstrando assim, que é preciso considerar cada região ou estado nas avaliações a fim de obter estimativas que se aproximem do verdadeiro valor genético do animal.

Tabela 2 Estimativa da herdabilidade direta (diagonal), correlações genéticas (triangular superior) e respectivos desvios padrão das medidas do peso ao sobreano.

	P450_GO	P450_MT	P450_SP	P450_MS	P450_MG
P450_GO	0,5118±0,025	0,7379±0,070	0,8868±0,044	0,9629±0,013	0,6657±0,084
P450_MT		0,3849±0,034	0,8222±0,073	0,8234±0,047	0,9641±0,026
P450_SP			0,4408±0,021	0,8875±0,044	0,7255±0,076
P450_MS				0,3662±0,018	0,7316±0,062
P450_MG					0,4106±0,038

Os valores das correlações genéticas entre os cinco estados mostram valores abaixo de 0,80 entre os estados: Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, evidenciando a existência da interação genótipo-ambiente (IGA).

Nota-se que com exceção da correlação entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, todas as outras correlações são entre estados muito próximos e até entre estados da mesma região, podendo assim possivelmente atrelar a significância da IGA ao fato de possíveis variações de clima, de manejo e de ambiente entre as regiões. Entretanto para a interpretação das estimativas obtidas deve-se considerar a

distribuição das propriedades utilizadas nas análises, uma vez que, dentro dos estados podem estar contidas maiores discrepâncias ambientais que entre estados. Desta maneira, as expressões fenotípicas das características serão diferentes, devendo ser consideradas características distintas e determinadas por conjuntos diferentes de genes, para que assim na seleção não se cometa o erro de considerar o mesmo genótipo superior para todos os estados. Contudo, Fridrich et al. (2003) não encontraram interação significativa para bovinos da raça Tabapuã entre nenhum estado da região sudeste e centro-oeste, valores médios de 0,92.

Não houve interação significativa entre os estados: Goiás e São Paulo, Goiás e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e São Paulo, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Minas Gerais e entre São Paulo e Mato Grosso do Sul, sugerindo que os genótipos ativos nos dois ambientes são parcialmente idênticos e, a resposta à seleção para a característica em um dos estados será parcialmente semelhante à resposta em outro estado. Valores diferentes foram encontrados por Mattar et al. (2008) ao encontrarem interação significativa entre esses mesmos estados.

Pelos resultados obtidos, observou-se que o peso ao sobreano tem uma grande variação de acordo com a região. Ferreira et al. (2001) ao trabalhar com dados de animais da raça Nelore, concluíram que os efeitos de interação genótipo-ambiente foram mais importantes após o período da desmama. Independente de ocorrer interação significativa ou não, é necessário que o desempenho de um animal seja avaliado em cada região distintamente, considerando todos os efeitos envolvidos. Entretanto quando a IGA estiver presente, se torna ainda mais necessário que cada avaliação genética seja feita de acordo com a região, para que assim não se superestimem os valores fenotípicos dos animais para todos os estados.

Tendo em vista o processo bayesiano, temos que os valores entre média, mediana e moda das amostras efetivas variaram, entretanto foram relativamente semelhantes dentro de cada estado. Observa-se que os valores das amostras efetivas foram muito pequenos, isto demonstra uma alta dependência entre as amostras, possivelmente relacionada também com o número de parâmetros estimados, 20 no total.

Conclusões

Esses resultados indicam a existência e a não existência de interação genótipo-ambiente para regiões muito próximas, sugerindo que a avaliação regional é de suma importância para a obtenção do verdadeiro valor genético dos animais. Em vista dos resultados pode-se questionar a utilização do estado como critério de avaliação da interação genótipo-ambiente, sendo talvez mais interessante a aplicação de técnicas de agrupamento das propriedades seguindo variáveis climatológicas existentes e de descrição de manejo.

Para o pequeno número de amostras, se faz necessário um maior número de ciclos para que se amenizem as dependências e a distribuição dos dados fique mais próxima à normalidade.

Agradecimentos

À Fapesp pela bolsa concebida e a ANCP (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores) pelo banco de dados fornecido.

Literatura citada

- FERREIRA, V.C.P., PENNA V. M., BERGAMANN, J. A. G. et al. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392, 2001.
- FRIDRICH, A.B., SILVA, M. A., FRIDRICH, D. et al. Interação genótipo x ambiente em algumas características de produção de bovinos de corte da raça Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: CD-ROM – Melhoramento Animal, 2003.
- MATTAR, M., ALENCAR, M. M., CARDOSO, F. F. et al. Interação genótipo-ambiente para peso ao sobreano em alguns estados brasileiros e em clusters de municípios do estado de São Paulo em bovinos da raça Canchim. IN: VII SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2008, São Carlos. **Anais...** São Carlos: CD-ROM
- MISZTAL, I. 2007. URL: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>. Acessado em 10/03/2008.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS - SAS. User's guide: Version 6.11 ed. Cary: 2008.
- VANKAAM, J. B. C. H. M. (1998). Disponível em: <http://www.student.wau.nl/~janthijs/breedingsite/eadgibanal.html>. Acessado em 10/03/2008.