

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

SANDRA RIBEIRO

Estudo da interação genótipos x ambientes em algumas
características produtivas na raça Nelore

Pirassununga

2006

SANDRA RIBEIRO

Estudo da interação genótipos x ambientes em algumas características produtivas na raça Nelore

Dissertação apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Mestre em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Pirassununga

2006

FICHA CATALOGRÁFICA

preparada pela

Biblioteca da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

R484e	<p>Ribeiro, Sandra</p> <p>Estudo da interação genótipos x ambientes em algumas características produtivas na raça Nelore / Sandra Ribeiro – Pirassununga, 2006.</p> <p>72 f.</p> <p>Dissertação (Mestrado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – Universidade de São Paulo.</p> <p>Departamento de Ciências Básicas.</p> <p>Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.</p> <p>Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.</p> <p>Unitermos: 1. Interação genótipos x ambientes 2. Bovinos de corte 3. Avaliação genética I. Título.</p>
-------	--

AGRADECIMENTOS

A *Deus*, por cada passo dado em direção a esta conquista, pelas quedas que me motivaram a levantar e prosseguir, pela coragem e perseverança concedida nos momentos de fraqueza. Enfim, pela fé em me fazer crer que a vida é uma grande lição, onde perdas e ganhos fazem parte do caminho em direção às nossas conquistas.

À *FAPESP*, pelo auxílio financeiro na execução deste trabalho.

Ao *Prof. Dr. Joanir Pereira Eler*, pela orientação e confiança na execução deste trabalho.

Ao *Prof. Dr. Júlio Balieiro*, o maior responsável pelos ensinamentos adquiridos durante estes dois anos, pelo estímulo e confiança no meu trabalho, os quais proporcionaram importante papel em meu crescimento profissional.

À companheira de trabalho e amiga *Elisângela Chicaroni de Mattos*, pelo apoio e pela significativa contribuição na elaboração deste trabalho.

Aos *amigos do GMA*, pelo auxílio nas horas de dificuldade, pela amizade, companheirismo, cumplicidade e bons momentos compartilhados durante esta fase de minha vida.

A meus pais *Carlos e Sonia*, e minha irmã, *Bruna*, pelo apoio no alcance de mais esta conquista.

Ao amigo *Eduardo*, pela amizade, apoio nos momentos de dificuldade, pelas lições de vida, companheirismo e incentivo.

Aos *Professores e Funcionários* da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo.

A todos os demais, que direta ou indiretamente contribuíram para a execução deste trabalho e meu crescimento profissional.

RESUMO

RIBEIRO, S. **Estudo da interação genótipos x ambientes em algumas características produtivas na raça Nelore**. 2006. 72f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2006.

O presente estudo teve por objetivo estudar os efeitos da interação genótipos x ambientes sobre as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos de corte da raça Nelore. Foram analisados 45.697 registros de peso à desmama ajustados para 205 dias (PD), 34.773 registros de peso ao sobreano ajustados para 550 dias (PS) e 34.753 registros de ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), originários de três fazendas localizadas nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o programa MTDFREML. Os dados foram submetidos a análises de duas formas distintas: primeiramente processaram-se análises de características únicas para os dados de cada fazenda e para conjuntos de dados formados por pares de fazendas. Em seguida, processaram-se análises de características múltiplas, em que a mesma característica foi considerada como variáveis distintas em cada par de fazendas. A partir da obtenção dos valores genéticos dos animais, foram calculadas as diferenças esperadas na progênie (DEPs) dos mesmos, bem como as correlações de Pearson entre os valores das DEPs dos touros para as três características estudadas. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade variaram de 0,17 a 0,33 para a característica PD, 0,31 a 0,48 para a característica PS e 0,11 a 0,32 para a característica GP. Os coeficientes de correlação genética encontrados variaram de 0,82 a 1,00, enquanto as correlações de Pearson entre as DEPs dos touros variaram de 0,89 a 0,99. Os resultados levam a sugerir pequeno ou nenhum efeito da interação genótipo x ambiente nos rebanhos incluídos neste estudo.

Palavras-chave: Interação genótipos x ambientes; bovinos de corte; avaliação genética

ABSTRACT

RIBEIRO, S. **Study of genotypes x environments in some productive traits in Nellore cattle**. 2006. 72f. M.Sc Dissertation – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2006.

The objective of the present study was to evaluate the genotype x environment interaction effect on weaning weight, post-weaning weight and weight gain post-weaning in Nellore beef cattle herds. There were analyzed 45,697 data of weaning weight adjusted to 205 days (PD), 34,773 data of post-weaning weight adjusted to 550 days (PS) and 34,753 data of weight gain post-weaning (GP), which were collected from three farms localized in southwest and middle-east of Brazil. The variance components were estimated by MTDFREML. Those data were analyzed applying two different methods: the first proceeding was of considering single traits to the data of each farm and also to the data-set originated by pair of farms. The second method was performing the analysis of multiple traits once the same trait was considered as a distinct variable in each pair of farms. Since genetic values were obtained there were calculated the expected breeding values (EPD) of the sires as the Pearson correlations between the EPD values and the traits analyzed. The estimative of heritability coefficients ranged from 0.17 to 0.33, 0.31 to 0.48 and 11 to 0.32 to PD, PS and GP respectively. The genetic correlations varied from 0.82 to 1.00, while the Pearson correlation between the EPDs ranged from 0.96 to 0.99. The results suggest a modest or inexistent genotype x environment interaction effect in the herds evaluated.

Key-words: genotype x environment interaction, beef cattle, animal breeding

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (4,64 kg) e multi-características para a Fazenda CH (4,00 kg)..... 57
- Figura 2** – Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (4,64 kg) e multi-características para a Fazenda SF (4,76 kg) 57
- Figura 3** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (9,60 kg) e multi-características para a Fazenda CH (8,90 kg) 58
- Figura 4** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (9,60 kg) e multi-características para a Fazenda SF (9,70 kg) 58
- Figura 5** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (3,57 kg) e multi-características para a Fazenda CH (3,0 kg)..... 59
- Figura 6** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (3,57 kg) e multi-características para a Fazenda SF (3,56 kg) 59

- Figura 7** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (4,06 kg) e multi-características para a Fazenda LA (2,97 kg) 60
- Figura 8** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni- características do conjunto de Fazendas LA-SF (4,06 kg) e multi-características para a Fazenda SF (4,45 kg) 60
- Figura 9** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (9,70 kg) e multi-características para a Fazenda LA (6,70 kg)..... 61
- Figura 10** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (9,70 kg) e multi-características para a Fazenda SF (10,0 kg) 61
- Figura 11** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (3,68 kg) e multi-características para a Fazenda LA (2,15 kg)..... 62
- Figura 12** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (3,68 kg) e multi-características para a Fazenda SF (3,61 kg) 62
- Figura 13** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,98 kg) e multi-características para a Fazenda LA (1,74 kg)..... 64

- Figura 14** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,98 kg) e multi-características para a Fazenda CH (1,86 kg) 64
- Figura 15** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (3,40 kg) e multi-características para a Fazenda CH (3,33 kg) 65
- Figura 16** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (3,40 kg) e multi-características para a Fazenda LA (3,31 kg)..... 65
- Figura 17** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,12 kg) e multi-características para a Fazenda CH (1,18 kg)..... 66
- Figura 18** - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,12 kg) e multi-características para a Fazenda LA (0,86 kg)..... 66

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Causas das eliminações e números de registros perdidos para as características de desenvolvimento ponderal, peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano 29
- Tabela 2** - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo a fazenda de criação..... 29
- Tabela 3** - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o ano de nascimento 30
- Tabela 4** - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o sexo do animal..... 30
- Tabela 5** - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características avaliadas. 31
- Tabela 6** - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características avaliadas, segundo a fazenda de mensuração 31
- Tabela 7** - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica peso à desmama (PD) em kg² 32
- Tabela 8** - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica peso ao sobreano (PS) em kg² 33
- Tabela 9** - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) em kg² 34
- Tabela 10** - Número de informações, estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), materna (\hat{S}_m^2), covariância entre o efeito genético aditivo direto e

materno ($\hat{S}_{a,m}$), variância do efeito de ambiente permanente \hat{S}_{pe}^2 , variância residual (\hat{S}_e^2), variância fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades genética (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2), e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso à desmama (PD) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²) 35

Tabela 11 - Número de informações, estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso ao sobreano (PS) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²) 37

Tabela 12 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como para LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²) 38

Tabela 13 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), materna (\hat{S}_m^2), das covariâncias genéticas aditivas diretas e maternas ($\hat{S}_{a,a}$, $\hat{S}_{m,m}$, $\hat{S}_{a,m}$), componentes de variância de ambiente permanente (\hat{S}_{pe}^2), residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso à desmama (PD) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg²) 40

Tabela 14 - Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre os efeitos genéticos diretos (\hat{r}_a^2) e maternos ($\hat{r}_{a,m}$) para a característica

	peso à desmama (PD) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg ²)	44
Tabela 15	- Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2), correlações genéticas (\hat{r}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{c}^2) para a característica peso ao sobreano (PS) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg ²)	45
Tabela 16	- Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2), correlações genéticas (\hat{r}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{c}^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) nos rebanhos CH, LA e SF obtidas em análises de características múltiplas (em kg ²).....	46
Tabela 17	- Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica peso à desmama (PD) obtidas a partir de análises de características únicas e em análises de características múltiplas	49
Tabela 18	- Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica peso ao sobreano (PS) obtidas a partir de análises de características únicas e análises de características múltiplas	51
Tabela 19	- Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) obtidas a partir de análises de características únicas e em análises de características múltiplas.....	53
Tabela 20	- Número total de reprodutores e número de reprodutores dentro dos 30% selecionados nos pares de Fazendas CH e SF, LA e CH e LA e SF, bem como os índices de discordância (porcentagens de indivíduos classificados nas fazendas individuais não comuns aos classificados nas duplas de fazendas), para as características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP).	54

SUMÁRIO

1. Introdução e revisão de literatura	13
2. Objetivos	20
3. Material e métodos	21
3.1. Origem dos dados	21
3.2. Dados analisados	21
3.3. Métodos de análises.....	22
3.3.1 Análises de característica única desconsiderando a interação genótipos x ambientes .	22
3.3.2 Análises de características múltiplas considerando a interação genótipos x ambientes	25
3.3.3 Critérios de convergência adotados.....	27
3.3.4 Correlações de Pearson entre as diferenças esperadas na progênie (DEPs) dos touros	27
4. Resultados e discussão	29
4.1 Análises descritivas das características avaliadas	29
4.2 Análises individuais para cada fazenda avaliada segundo o modelo touro	32
4.3 Análises individuais para cada fazenda e para pares de fazendas avaliadas segundo o modelo animal	35
4.4 Análises de características múltiplas, considerando a interação genótipos x ambientes .	39
4.5 Correlações de Pearson entre as diferenças esperadas na progênie (DEPs) dos touros	49
5. Conclusão	68
Referências bibliográficas.....	69

1. INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de bovinos de corte em andamento no Brasil estimam os componentes de (co)variância por máxima verossimilhança restrita (REML) em um modelo animal com predição dos valores genéticos, por meio de melhores preditores lineares não-viesados (BLUP). Nas avaliações genéticas, a pressuposição comumente assumida é a ausência de interação genótipos x ambientes, ou seja, as variâncias residuais e genéticas são consideradas constantes para todos os rebanhos participantes. Neste caso, são desconsiderados os níveis de produção e as variâncias particulares dos diferentes ambientes avaliados. Em alguns estudos de características de crescimento, tem crescido a preocupação sobre respostas dos indivíduos em função dos diferentes ambientes em que são avaliados. A interação genótipos x ambientes, quando não é devidamente detectada, implica em predição viesada dos valores genéticos, com conseqüente redução do progresso genético.

Desta forma, estudos visando identificar e quantificar o impacto deste tipo de interação na avaliação genética de bovinos de corte se justificam pela importância na recomendação de animais geneticamente superiores, os quais tendem a ser criados em distintos ambientes e sistemas de produção.

A importância de estudar o comportamento de desempenho dos animais em relação ao ambiente em que são explorados não é um tema novo. Diversos pesquisadores têm se preocupado com metodologias que visam identificar e corrigir o problema.

Inicialmente, Lush (1945) recomendou que os animais deveriam ser mantidos em um meio no qual pudessem mostrar prontamente quais os indivíduos que mais se aproximariam do ideal, ou seja, aqueles possuidores de todos os genes com efeitos desejáveis. Hammond (1947) concluiu que a seleção deveria ser praticada em ambiente mais favorável, para melhorar a acurácia da seleção em decorrência da maior expressão de genes de interesse econômico.

Falconer (1952) introduziu o conceito da correlação genética entre desempenho em ambientes diferentes, usando a taxa de resposta indireta (correlacionada), em relação à resposta direta, para determinar o ambiente ótimo para seleção. A idéia proposta é a de que um caráter medido em dois ambientes diferentes não deveria ser analisado como um único caráter, e sim como dois. A explicação do autor é que mecanismos fisiológicos são, de algum modo, diferentes, conseqüentemente os genes exigidos para maior desempenho são também diferentes. Se a correlação genética for alta, então o desempenho em dois ambientes representará aproximadamente o mesmo caráter, determinado pelo mesmo grupo de genes. Se

a correlação for baixa, o caráter será muito diferente, e o desempenho exigirá um grupo diferente de genes.

De acordo com Cruz e Regazzi (1997), a existência da interação está associada a dois fatores: o primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado complexo, indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e a recomendação dos mesmos.

Na prática do melhoramento animal, as decisões de seleção têm sido freqüentemente tomadas entre grupos de animais criados em ambientes distintos, os quais podem diferir tanto na média de desempenhos, quanto na variabilidade, o que leva a diferentes estimativas de componentes de (co)variâncias e, conseqüentemente, à diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos.

Henderson (1984) mostrou que um dado modelo poderia estar associado a quaisquer das seguintes situações, com relação aos componentes de variância:

1) Correlação genética igual à unidade entre méritos em cada ambiente. Esta situação inclui interações genótipos-ambientes que resultam de diferenças absolutas, variando entre avaliações dos candidatos em ambientes diferentes. Neste caso, as possibilidades são:

i) Variâncias genéticas aditivas e residuais iguais em todos os ambientes;

ii) Variâncias genéticas aditivas iguais, mas variâncias residuais com magnitude dependente dos ambientes. Conseqüentemente, as herdabilidades variarão entre ambientes;

iii) Variâncias genéticas aditivas que diferem de acordo com o ambiente e variâncias residuais constantes. As herdabilidades variarão com os ambientes;

iv) Variâncias genéticas e residuais proporcionalmente variáveis, tal que as herdabilidades permaneçam constantes entre os ambientes; e

v) Variâncias genéticas aditivas e residuais que mudam de tal forma, que as herdabilidades são variáveis.

2) Correlação genética menor que 1, entre desempenho dentro de ambientes diferentes.

A situação 1 (i) é a de característica única mais simples, e os valores genéticos podem ser estimados ao montar e resolver as equações de modelos mistos (HENDERSON, 1963).

Segundo Balieiro (2001), na situação 1 (ii), R não é mais o produto de uma matriz identidade e um escalar. Computacionalmente, as partições de quadrados mínimos são aquelas usadas para regressão ponderadas pelos pesos iguais aos recíprocos das variâncias residuais. Tal fato é idêntico a usar equações de modelos mistos se X , Z e Y são transformados, dividindo cada linha destas matrizes pelos seus desvios-padrão residuais pertinentes e α é redefinida como o recíproco da variância genética aditiva. As situações 1 (iii), (iv) e (v) envolvem equações de características múltiplas, com mérito genético em cada ambiente como uma característica diferente. Estas equações são caracterizadas por matrizes de variâncias-covariâncias genéticas singulares, porque os valores genéticos para desempenho, em cada ambiente, estão linearmente relacionados com o multiplicador, que é a relação dos desvios-padrão genéticos aditivos nos dois ambientes. As variâncias do erro de predição não serão relacionadas neste caso. A matriz G é definida agora como o produto direto da matriz de variâncias e covariâncias singular, entre as características, com a matriz de parentesco genético aditivo. Esta será singular, portanto, G^{-1} não existe. A situação 1 (iii) pode parecer mais simples que os outros casos de matrizes G singulares. Porém, quando um modelo de touro é ajustado, o componente residual incluirá 75% da variância genética aditiva, de forma que tanto a variância de touro quanto a residual serão heterogêneas. Assim, nenhuma distinção adicional precisa ser feita entre estas três situações. A situação 2 é um exemplo de um problema de características múltiplas, em que G se torna o produto direto do numerador da matriz de parentesco não-singular e da matriz de variâncias-covariâncias genética aditiva. Se cada indivíduo tem um registro de desempenho em apenas um ambiente, a matriz R terá uma estrutura diagonal. Dificuldades computacionais surgem quando o número de características aumenta. Em circunstâncias especiais, as transformações canônicas apresentadas por Thompson (1979) podem ser usadas para reduzir os cálculos computacionais na montagem dessas equações para característica única.

A importância da interação genótipos x ambientes na determinação de um ambiente ótimo para seleção não tem sido bem estabelecida (NUNN et al., 1978). Segundo Tess et al. (1984), a presença de interação touros x ambientes para importantes características em bovinos de corte, poderia levar a erros na seleção de touros e, conseqüentemente, à diminuição dos níveis de resposta à seleção. Alguns estudos têm demonstrado a presença de alterações significativas na ordem de classificação dos animais em desempenho ou mérito genético quando estes são comparados em diferentes regiões (NUNN et al., 1978; DARNELL et al., 1987; NOTTER et al., 1992; NESER et al., 1998; SCHOEMAN & JORDAAN, 1998; SOUZA et al., 1998; NEPHAWE et al., 1999; FERREIRA et al., 2001; FIKSE et al., 2003).

Uma forma de demonstrar a presença da interação genótipo x ambiente é a comparação do desempenho de progênie de touros entre ambientes pelas técnicas de análise de variância (NOTTER et al., 1992). Dickerson (1962) sugeriu que parte do efeito da interação do reprodutor com o rebanho se deve à heterogeneidade de variância do resíduo e/ou da genética aditiva dentro de cada rebanho. De acordo com Van Vleck (1987), se as variâncias genéticas e residuais e as covariâncias fossem conhecidas em cada rebanho ou no ambiente representado por um conjunto de rebanhos, a seleção com base nos resultados obtidos das análises de características múltiplas em modelos mistos produziria uma avaliação de qualidade, a qual poderia ser usada para selecionar otimamente touros ou vacas para produzirem em rebanhos ou em ambientes específicos.

Segundo Torres et al. (2000), a extensão do problema seria a origem da variabilidade dos rebanhos avaliados. Quando esta é causada por fatores ambientais, então a avaliação genética dos animais pode estar mais sob influência do ambiente no qual são criados que de seu potencial genético. Nesse sentido, na avaliação genética de reprodutores, torna-se importante considerar as condições de meio ambiente a que serão submetidos os seus descendentes, uma vez que a resposta em termos de produção está relacionada com essas condições. Quando se deseja fazer a avaliação genética de touros acasalados com fêmeas de diferentes rebanhos, são requeridas informações sobre a interação touro x rebanho e também a heterogeneidade de variâncias entre estes rebanhos (NUÑEZ-DOMINGUEZ et al., 1995).

Ferreira et al. (2001), estudando os efeitos da interação genótipo x ambiente em bovinos de corte, verificaram que os valores das variâncias foram acentuadamente maiores para as características comprovadamente afetadas por esta interação.

Estudando a influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã, Campelo et al. (2003) afirmaram que, embora não tenha sido testado estatisticamente se as correlações entre as classes de alto e baixo desvio-padrão diferiram da unidade (pressupondo ambientes distintos de manejo), os resultados obtidos levaram a sugerir a expressão de conjuntos gênicos diferentes em cada situação, sugerindo a existência de interação genótipo x ambiente. Partindo deste mesmo princípio, Carvalheiro et al. (2002), alertaram que, se correções não forem feitas, rebanhos que praticam seleção intensa e que apresentam níveis acentuados de heterogeneidade de variância residual podem ter seus animais classificados de maneira incorreta.

Se a classificação de um animal se altera entre ambientes, isto indica a presença de interação genótipo x ambiente, sugerindo que indivíduos selecionados em um ambiente não

podem manter sua superioridade genética na íntegra, quando transferidos para outros ambientes. Deste modo, a habilidade de se identificar animais geneticamente superiores, essencial para maximizar o progresso genético, é dificultada pela presença desta interação. Além disso, as acurácias das estimativas de valor genético em diferentes ambientes serão reduzidas, caso estas interações sejam importantes. A não ser que o touro tenha progênie em muitos ambientes, qualquer efeito da interação seria confundido com a estimativa de mérito genético (ELER et al., 2000). Para Donoghue e Bertrand (2004), a combinação de diferentes regiões em uma única análise na elaboração de um conjunto comum de valores genéticos vai depender do desenvolvimento de métodos de ajuste para parâmetros heterogêneos, em modelos contendo efeitos diretos e maternos, e para circunstâncias onde diferentes níveis de variância ou herdabilidade não se fazem presentes entre estas populações.

Dentro desse contexto, o crescente uso da inseminação artificial pode ser causa de preocupação para a seleção de touros, como relatado por Nunn et al. (1978). A utilização desta tecnologia tem tornado possível para os touros produzirem descendentes em qualquer lugar no país ou até mesmo fora dele. Conseqüentemente, touros podem ser utilizados em ambientes muito diferentes daqueles nos quais seu desempenho e progênie foram testados (TESS et al., 1984). Por estas e outras razões, Bolze (1998) relatou que os criadores estão sendo encorajados a adquirir doses de sêmen ou touros que tenham sido criados e avaliados em ambientes similares aqueles nos quais suas progênies irão se desenvolver.

Uma possível alternativa para o problema seria a quantificação dos possíveis efeitos causados pelas diferenças ambientais por meio da inclusão da interação genótipo x ambiente como fonte de variação nos modelos animais utilizados na avaliação de parâmetros genéticos. A maioria dos resultados que tem examinado registros de desenvolvimento ponderal considerando a interação reprodutor x ambiente, tem envolvido análises de variância com a inclusão de componentes desta interação no modelo (REIS & LOBO, 1991). A inclusão da interação genótipo x ambiente, seja touro x rebanho, touro x grupo contemporâneo ou touro x ano de nascimento do bezerro, no modelo, pode ser um procedimento adequado para melhorar a ordenação dos reprodutores (ELER et al., 2000).

Segundo alguns autores, as diferenças substanciais de covariância entre efeitos genéticos diretos e maternos em diferentes regiões podem ser resultantes da ação da interação genótipos x ambientes (MEYER, 1992; ELER et al., 1995; ROBINSON, 1996). Robinson (1996) constatou que grande proporção da correlação negativa entre os efeitos direto e materno para o peso à desmama pode ter sido causada pela interação do tipo touro x ano, a qual é

especialmente importante quando uma grande quantidade de reprodutores é introduzida na população a cada ano. Através da inclusão da interação touro x rebanho como componente aleatório no modelo animal, Eler et al. (2000) verificaram que as correlações genéticas entre efeitos direto e materno se aproximaram de zero, ou tornaram-se até mesmo positivas. Porém, quando a interação foi omitida, as correlações foram negativas. Para estes autores a covariância, em geral negativa, pode estar inflada em sua magnitude pela interação, forçando os animais com DEPs positivas para peso a apresentarem DEPs negativas para habilidade materna e vice-versa.

Análises de dados de campo têm indicado a presença de correlações genéticas significativas entre informações de desempenho dos animais em diferentes ambientes, tanto entre regiões dentro de um mesmo país quanto entre países. Naser et al. (1998), encontraram este efeito sobre o peso à desmama de bovinos da raça Bonsmara em duas regiões da África do Sul, sugerindo uma possível re-classificação dos touros entre estas regiões. O mesmo foi constatado por Nunn et al. (1978) em animais da raça Simental distribuídos em oito regiões dos Estados Unidos, onde o efeito da interação touro x região não foi significativo para peso ao nascimento, porém foi suficientemente pronunciado para peso à desmama. Para esta mesma característica, Espasandin et al. (2005) analisaram os valores genéticos e as classificações de touros da raça Angus do Brasil e do Uruguai, considerando ou não as interações genótipo x país. Estimaram-se as correlações de ordem entre os valores genéticos dos touros comuns a ambos países, obtidos pelos diferentes modelos. Tanto as correlações genéticas, quanto às de ordem dos valores genéticos dos touros apontaram efeitos da interação genótipo x ambiente sobre o caráter analisado e sobre a classificação dos reprodutores nos diferentes ambientes. A alteração da classificação de touros também foi observada por Toral et al. (2004) para as características peso ao nascimento, aos 205, 365 e 550 dias, em bovinos Nelore provenientes de três regiões do estado de Mato Grosso do Sul.

Como justificativa para a baixa correlação constatada para peso a desmama de bovinos Nelore entre três regiões do Brasil, Souza et al. (1998) apontaram o fato de que os efeitos genéticos que controlam o peso a desmama em uma região não coincidem em sua totalidade com os efeitos que controlam esta mesma característica na outra região em questão.

O ganho de peso pós-desmama também mostrou ser afetado pelo efeito da interação genótipo x ambiente, segundo o que foi encontrado por Lee e Bertrand (2002) em estudos envolvendo populações da raça Hereford distribuídas entre Argentina, Canadá, Uruguai e Estados Unidos. No entanto, foram verificados que os pesos ao nascimento e a desmama

podem ser analisados como a mesma característica em todos os países estudados, uma vez que não houve interação genótipo x ambiente significativa. Resultados semelhantes foram encontrados por Ferreira et al. (2001), os quais não evidenciaram efeito da interação genótipo x ambiente até a desmama em animais Nelore. Porém, no período pós-desmama, seu efeito foi considerado elevado. Ainda na raça Nelore, Simonelli et al. (2004) verificaram baixas correlações genéticas para peso à desmama, peso ao ano e ao sobreano entre cinco regiões do Estado de Mato Grosso do Sul.

2. OBJETIVOS

Pelo exposto, o presente estudo teve por objetivos:

- (i) Estimar o comportamento dos componentes de variância e os parâmetros genéticos para características de desenvolvimento produtivo em animais da raça Nelore, desconsiderando a interação genótipos x ambientes onde foram realizadas as mensurações;
- (ii) Avaliar o comportamento dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos para características de desenvolvimento produtivo na raça Nelore, por meio de análises que consideram a interação genótipos x ambientes;
- (iii) Predizer os valores genéticos com modelos mistos, considerando e desconsiderando a interação genótipos x ambientes, visando verificar os impactos desta interação na avaliação genética e na classificação de touros da raça Nelore.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Origem dos dados

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos no Grupo de Melhoramento Animal, pertencente ao Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMA/ZAB – FZEA – USP), Pirassununga, São Paulo, e referem-se ao controle de desenvolvimento ponderal de animais da raça Nelore, provenientes de três rebanhos pertencentes à empresa Agro-Pecuária CFM Ltda. Dois dos rebanhos estão localizados na região oeste do Estado de São Paulo e um, no Estado de Mato Grosso do Sul.

Os rebanhos são explorados, visando à venda de animais para abate e a venda de reprodutores (matrizes e touros) geneticamente avaliados. O sistema de criações a campo é adotado nas três fazendas do grupo, com suplementação de sal mineralizado à vontade. As pastagens que predominam nas fazendas são constituídas por braquiária (*Brachiaria decumbens*). Quando do preparo dos animais para leilão, estes são confinados, recebendo forragem picada e concentrado à vontade.

Os rebanhos são, sistematicamente, vacinados contra febre-aftosa, brucelose, carbúnculo, pneumoenterite e raiva, fazendo-se, também, o controle de ecto/endoparasitas e tuberculose.

3.2 Dados analisados

O conjunto inicial de dados possuía 165.039 registros de pesos à desmama (PD), 68.066 registros de pesos ao sobreano (PS) e 67.802 registros de ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), originários de animais nascidos entre 1987 e 2002 e distribuídos em três rebanhos: CH, LA e SF.

Os grupos contemporâneos para peso à desmama foram caracterizados por animais nascidos em mesmo rebanho, no mesmo ano, na mesma estação, de mesmo sexo e no mesmo grupo de manejo até a desmama. Para formação dos grupos contemporâneos para peso ao sobreano e para ganho de peso da desmama ao sobreano, além dos efeitos supracitados incluiu-se o grupo de manejo da desmama ao sobreano.

Os dados foram editados para eliminar registros que apresentavam erros, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos e progênies de touros que só apareciam em um grupo contemporâneo (animais nascidos no mesmo rebanho, ano, estação, sexo e grupo de manejo). Além destas eliminações, as classes de grupos contemporâneos com menos de cinco observações foram descartadas.

3.3. Métodos de análises

3.3.1. Análises de característica única desconsiderando a interação genótipos x ambientes

A característica peso à desmama foi previamente ajustada para o efeito de idade à mensuração utilizando-se polinômios segmentados. Para a determinação dos segmentos iniciais que formaram a função, utilizou-se um diagrama de dispersão com objetivo de identificar as regiões onde poderiam ocorrer as mudanças de comportamento da distribuição dos valores fenotípicos. As análises de regressão foram realizadas utilizando o procedimento NLIN (SAS, 1995), onde foram estimados os parâmetros e a definição do polinômio segmentado (quadrático-quadrático) (GALLANT e FULLER, 1973; MOURÃO et al., 2004). Os fatores de correção foram calculados utilizando as soluções para cada efeito no ajuste do polinômio segmentado.

As observações da característica peso à desmama, corrigidas pelos fatores de correção obtidos por polinômio segmentado, em análises que desconsideram a interação genótipos x ambientes, foram avaliadas preliminarmente de acordo com o Modelo Touro (Modelo “a”) descrito a seguir:

Modelo “a”:

$$y_{ijkl} = \mu + r_i + g_j + c_k + e_{ijkl}$$

em que y_{ijkl} = peso à desmama ajustado para 205 dias do animal l , da classe de idade da mãe ao parto k , pertencente ao grupo contemporâneo à desmama j e filho do reprodutor i ; μ = constante inerente a todas observações; r_i = efeito aleatório do reprodutor i , com média 0 e variância σ^2_r ; g_j = efeito fixo da classe de grupo contemporâneo à desmama j ; c_k = efeito fixo da classe de idade da mãe ao parto k ; e_{ijkl} = efeito aleatório residual associado ao peso à desmama ajustado para 205 dias do animal l , da classe de idade da mãe ao parto k , pertencente ao grupo contemporâneo à desmama j e filho do reprodutor i , com média 0 e variância σ^2_e .

Para essas análises foram utilizados os procedimentos PROC UNIVARIATE, PROC FREQ, PROC GLM e PROC VARCOMP, além do PROC NLIN, do programa *Statistical Analysis System*, versão 8.2 (SAS, 1995). A verificação da significância das variações relativas aos quadrados médios residuais foi realizada pelo Teste de Bartlett ($P > 0,05$).

Posteriormente, a característica peso à desmama corrigida por polinômio segmentado foi também avaliada nas análises que desconsideram a interação genótipos x ambientes, por meio de Modelo Animal (Modelo “b”) descrito a seguir:

Modelo “b”:

$$y_{ijklmn} = \mu + a_{ij} + m_{ijk} + p_{ijk} + g_i + c_m + e_{ijklmn}$$

em que y_{ijkl} = peso a desmama ajustado para 205 dias do animal n , da classe de idade da mãe ao parto m , pertencente ao grupo contemporâneo a desmama l , no parto k da matriz j e filho do reprodutor i ; μ = constante inerente a todas observações; a_{ij} = efeito aleatório aditivo direto, com média 0 e variância σ_a^2 ; m_{ijk} = efeito aleatório aditivo indireto (materno), com média 0 e variância σ_m^2 ; p_{ijk} = efeito aleatório permanente de meio do animal k , com média 0 e variância σ_{pe}^2 ; g_i = efeito fixo da classe de grupo contemporâneo a desmama l ; c_m = efeito fixo da classe de idade da mãe ao parto m ; e_{ijklmn} = efeito aleatório residual associado ao peso a desmama ajustado para 205 dias do animal n , da classe de idade da mãe ao parto m , pertencente ao grupo contemporâneo à desmama l , no parto k da matriz j e filho do reprodutor i , com média 0 e variância σ_e^2 .

A idade da mãe ao parto foi distribuída em oito classes (CIMP), sendo: CIMP 1 = idade entre 0 e 28 meses; CIMP 2 = idade entre 27 e 37 meses; CIMP 3 = idade entre 36 e 49 meses; CIMP 4 = idade entre 48 e 73 meses; CIMP 5 = idade entre 72 e 121 meses; CIMP 6 = idade entre 120 e 145 meses; CIMP 7 = idade entre 144 e 181 meses; CIMP 8 = idade maior que 180 meses.

Para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano foram utilizados os mesmos modelos e ajustes para a idade de pesagem, apenas com adaptações particulares a cada característica na modelagem. Tais adaptações incluíram a eliminação dos efeitos aleatórios materno e de ambiente permanente de meio, além da substituição do grupo de manejo do nascimento à desmama pelo grupo de manejo da desmama ao sobreano na formação dos grupos contemporâneos.

Em notação matricial, o modelo linear para obtenção de BLUP nas análises para características únicas, que desconsideram os diferentes ambientes, foi dado por:

$$y = X\beta + Z_a a + Z_m m + Z_p p + e, [1]$$

em que y = vetor $n \times 1$, de n observações da característica peso à desmama em determinada dupla de fazendas; X = matriz $n \times f$, de incidência de níveis dos efeitos fixos; β = vetor $f \times 1$, de efeitos fixos referentes às classes de idade da mãe ao parto e grupo de contemporâneos do nascimento à desmama; Z_a = matriz diagonal $n \times N$, de incidência dos valores genéticos; a = vetor $N \times 1$, de valores genéticos dos animais; Z_m = matriz diagonal $n \times N$, de incidência dos valores dos efeitos genéticos maternos; m = vetor $N \times 1$, de valores referentes ao efeito

genético materno dos animais; \mathbf{Z}_p = matriz diagonal $n \times N$, de incidência dos efeitos de ambiente permanente dos animais; \mathbf{p} = vetor $N \times 1$, de valores referentes ao efeito de ambiente permanente dos animais; \mathbf{e} = vetor de resíduos da mesma dimensão de y , sendo \mathbf{N} = número de indivíduos, n = número total de observações e f = número de efeitos fixos.

As distribuições dos vetores y , a , m , p e e podem ser descritas como:

$$\begin{bmatrix} y \\ \mathbf{a} \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X\mathbf{b} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z'_a + Z_m M Z'_m + Z_p P Z'_p + R & Z_a G & Z_m M & Z_p P & R \\ & G Z'_a & G & 0 & 0 \\ & M Z'_m & 0 & M & 0 \\ & P Z'_p & 0 & 0 & P \\ & R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que: $G = A s^2_a$; $M = I_N s^2_m$; $P = I_n s^2_p$; e $R = I_n s^2_e$; onde A = matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número total de indivíduos (N); s^2_a = variância genética aditiva da característica peso à desmama na dupla de fazendas; I_N = matriz identidade, de ordem N ; s^2_m = variância genética materna da característica peso à desmama na dupla de fazendas; s^2_p = variância referente ao efeito de ambiente permanente da característica peso à desmama na dupla de fazendas; I_n = matriz identidade, de ordem n ; s^2_e = variância residual da característica peso à desmama na dupla de fazendas.

As equações do modelo misto [1] foram descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_a & X'Z_m & X'Z_p \\ Z'_a X & Z'_a Z_a + A^{-1} \frac{\mathbf{S}_e^2}{\mathbf{S}_a^2} & Z'_a Z_m & Z'_a Z_p \\ Z'_m X & Z'_m Z_a & Z'_m Z_m + I \frac{\mathbf{S}_e^2}{\mathbf{S}_m^2} & Z'_m Z_p \\ Z'_p X & Z'_p Z_a & Z'_p Z_m & Z'_p Z_p + I \frac{\mathbf{S}_e^2}{\mathbf{S}_p^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}^0 \\ \hat{a} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'_a y \\ Z'_m y \\ Z'_p y \end{bmatrix}$$

Os modelos utilizados para obtenção do BLUP pelas análises únicas para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano foram os mesmos utilizados nas análises da característica peso à desmama, desconsiderando-se os vetores referentes aos efeitos genéticos maternos (m) e efeitos de ambiente permanente dos animais (p), bem como suas respectivas matrizes de incidência (Z_m e Z_p).

3.3.2 Análises de características múltiplas considerando a interação genótipos x ambientes

Nas análises que consideram a interação genótipos x ambientes, foram adotados os critérios de interações reprodutores x rebanhos. Assim, a conectividade entre os três rebanhos foi definida pelos “touro de conexão”, mantendo-se apenas os touros que possuíam progênes em pelo menos dois rebanhos em comum, e eliminando-se progênes daqueles representados em apenas um rebanho.

Foram realizadas análises visando a obtenção de componentes de (co)variância para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano de acordo com os modelos específicos para os mesmos, considerando cada rebanho como uma característica distinta em análises de características múltiplas.

O modelo para obtenção do BLUP pelas análises conjuntas da característica nas três fazendas foi o mesmo utilizado nas análises de característica única, mas considerando a distribuição multivariada e a diversidade entre as três fazendas no que se refere às variâncias residuais e genéticas, como segue:

$$y_i = X_i \beta_i + Z_{ai} a_i + Z_{mi} m_i + Z_{pi} p_i + e_i \quad [2]$$

em que y_i = vetor $n_i \times 1$, de n_i observações da característica i , onde i = característica peso à desmama expressa em cada uma das fazendas; X_i = matriz $n_i \times f_i$, de incidência de níveis dos efeitos fixos na característica i ; β_i = vetor $f_i \times 1$, de efeitos fixos referentes à característica i ; Z_{ai} = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores genéticos, contendo “1” na diagonal para a característica i ; a_i = vetor $N_i \times 1$, de valores genéticos dos animais na característica i ; Z_{mi} = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos valores dos efeitos genéticos maternos para a característica i ; m_i = vetor $N_i \times 1$, de valores referentes ao efeito genético materno dos animais, na característica i ; Z_{pi} = matriz diagonal $n_i \times N_i$, de incidência dos efeitos de ambiente permanente dos animais, na característica i ; p_i = vetor $N_i \times 1$, de valores referentes ao efeito de ambiente permanente dos animais na característica i ; e_i = vetor de resíduos da mesma dimensão de y_i , sendo N = número de indivíduos, n = número total de observações e f = número de classes de efeitos fixos.

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}, X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, \beta = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix}, a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}, m = \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix}, p = \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \end{bmatrix}, e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix},$$

$$Z_a = \begin{bmatrix} Z_{a1} & 0 \\ 0 & Z_{a2} \end{bmatrix}, Z_m = \begin{bmatrix} Z_{m1} & 0 \\ 0 & Z_{m2} \end{bmatrix}, Z_p = \begin{bmatrix} Z_{p1} & 0 \\ 0 & Z_{p2} \end{bmatrix},$$

Assumindo que y , a e e tenham distribuição normal e multivariada,

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G Z_a' + Z_m M Z_m' + Z_p P Z_p' + R & Z_a G & Z_m M & Z_p P & R \\ & G Z_a' & 0 & 0 & 0 \\ & M Z_m' & 0 & 0 & 0 \\ & P Z_p' & 0 & 0 & 0 \\ & R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

tem-se: $G = A \otimes G_0$,

$$M = I_N \otimes M_0,$$

$$P = I_N \otimes P_0, \text{ e}$$

$$R = I_n \otimes R_0,$$

sendo: A = matriz de numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, de ordem igual ao número total de indivíduos (N); G_0 = matriz 2 x 2, de variância e covariância genética aditiva da característica entre as fazendas avaliadas; e \otimes = operador produto direto (SEARLE, 1966).

$$G_0 = \begin{bmatrix} \hat{s}_{a11}^2 & s_{a12} \\ s_{a21} & \hat{s}_{a22}^2 \end{bmatrix},$$

em que s_{a11}^2 = variância genética aditiva da característica i , e s_{a12} = covariância genética aditiva entre as características nas diferentes fazendas;

$$M_0 = \begin{bmatrix} \hat{s}_{m11}^2 & 0 \\ 0 & \hat{s}_{m22}^2 \end{bmatrix}, P_0 = \begin{bmatrix} \hat{s}_{p11}^2 & 0 \\ 0 & \hat{s}_{p22}^2 \end{bmatrix}, R_0 = \begin{bmatrix} \hat{s}_{e11}^2 & s_{e12} \\ s_{e21} & \hat{s}_{e22}^2 \end{bmatrix},$$

em que s_{m11}^2 = variância genética materna da característica i ; I_N = matriz identidade de ordem N ; s_{p11}^2 = variância referente ao efeito permanente de meio da característica i ; I_N = matriz identidade de ordem N ; s_{e11}^2 = variância residual da característica i e s_{e12} = covariância residual entre as características.

As equações do modelo misto [2] foram descritas como:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_a & X'R^{-1}Z_m & X'R^{-1}Z_p \\ Z'_aR^{-1}X & Z'_aR^{-1}Z_a + G^{-1} & Z'_aR^{-1}Z_m & Z'_aR^{-1}Z_p \\ Z'_mR^{-1}X & Z'_mR^{-1}Z_a & Z'_mR^{-1}Z_m + M^{-1} & Z'_mR^{-1}Z_p \\ Z'_pR^{-1}X & Z'_pR^{-1}Z_a & Z'_pR^{-1}Z_m & Z'_pR^{-1}Z_p + P^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}^0 \\ \hat{a} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'_aR^{-1}y \\ Z'_mR^{-1}y \\ Z'_pR^{-1}y \end{bmatrix}$$

Analogamente ao procedimento realizado nas análises uni-características, para as características peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, os modelos utilizados para obtenção do BLUP pelas análises conjuntas foram os mesmos utilizados nas análises da característica peso à desmama, desconsiderando-se os vetores referentes aos efeitos genéticos maternos (m_i) e efeitos de ambiente permanente dos animais (p_i), bem como suas respectivas matrizes de incidência (Z_{mi} e Z_{pi}).

Foram utilizadas nas análises as matrizes de numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM) referentes aos pares de fazendas CH e SF, LA e CH e LA e SF, com pedigrees de 53.174, 46.800 e 27.922 animais, respectivamente. As soluções das equações dos modelos mistos foram obtidas pelo programa MTDFREML, sob o modelo animal e o método da máxima verossimilhança restrita (BOLDMAN et al., 1995).

Para todas as características, foram calculadas as relações entre os componentes de variância residuais e genéticos diretos dentro de cada tipo de análise (uni ou bi-característica), com o propósito de verificar a contribuição do efeito residual para cada unidade adicionada ao efeito genético direto.

3.3.3. Critérios de Convergência adotados

Tanto para as análises de características únicas quanto para análises de características múltiplas, o critério de convergência adotado para o término das análises, foi aquele em que a variância do simplex atingiu 10^{-9} , por pelo menos dois “recomeços”, com os parâmetros estimados em rodada anterior, sem variação do -2Δ na sexta casa decimal.

3.3.4 Correlações de Pearson entre as Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) dos touros

A partir dos resultados obtidos nas análises anteriores, foram obtidas as DEPs de 466 reprodutores, visando verificar os impactos da interação genótipo x ambiente na avaliação genética e na classificação dos touros. Consideraram-se como reprodutores os animais machos

nascidos até a safra de 2001, e que apresentaram pelo menos duas progênies (em fazendas diferentes) durante sua vida produtiva.

Para as análises de características únicas, foram preparados arquivos contendo as DEPs dos reprodutores das Fazendas organizadas duas a duas, ou seja, Fazendas CH e SF, LA e CH e LA e SF, sendo que cada par havia sido analisado como um só rebanho. Estes dados foram correlacionados com as suas respectivas DEPs representadas em cada Fazenda individualmente, obtidas por meio de análises de características múltiplas. É válido lembrar que as comparações foram feitas dentro de cada par de Fazendas, e não entre os mesmos, visto que cada par foi analisado com uma matriz de parentesco distinta.

As DEPs dos reprodutores foram avaliadas por meio da correlação momento-produto de Pearson, utilizando o procedimento PROC CORR do programa *Statistical Analysis System*, versão 8.2 (SAS, 1995).

Com base nas DEPs para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidas por meio das análises de características únicas e múltiplas, foram selecionados e classificados os 30% melhores reprodutores em cada análise. Dentro desta seleção, foram calculadas as porcentagens de animais selecionados em comum entre as duplas de Fazendas e as Fazendas individuais, bem como os índices de discordância entre as classificações.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises descritivas das características avaliadas

Após as eliminações, os conjuntos finais dos dados para as análises ficaram constituídos de 45.697, 34.773 e 34.753 registros de pesos à desmama, pesos ao sobreano e ganhos de peso da desmama ao sobreano, respectivamente. As eliminações feitas nos conjuntos de dados encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 - Causas das eliminações e números de registros perdidos para as características de desenvolvimento ponderal, peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano

Causas de Eliminação	Peso à Desmama	Peso ao Sobreano	Ganho de Peso
Número de registros no arquivo original	165.039	68.066	67.802
Animais filhos de touros desconhecidos	96.848	15.606	15.460
Animais com registros > e < que 3 desvios-padrão amostral	1.210	518	729
Progênie de touros que apareceram em apenas um rebanho	19.775	15.135	15.187
Grupos contemporâneos com menos de 5 animais	1.509	2.034	1.673
Número de registros nos arquivos finais	45.697	34.773	34.753

A distribuição das características de desenvolvimento ponderal dos animais nos arquivos finais, por fazenda, ano de nascimento e sexo encontra-se nas Tabelas 2, 3 e 4, respectivamente.

Tabela 2 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo a fazenda de criação

Fazenda	PD		PS		GP	
	N	%	N	%	N	%
CH	10.662	23,33	7.906	22,74	7.913	22,77
LA	8.947	19,58	3.824	11,00	3.695	10,63
SF	26.088	57,09	23.043	66,27	23.145	66,60
Totais	45.697	100,00	34.773	100,00	34.753	100,00

Tabela 3 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o ano de nascimento

Ano de Nascimento	PD		PS		GP	
	N	%	N	%	N	%
1987	420	0,92	313	0,90	310	1,07
1988	574	1,26	519	1,49	524	1,51
1989	791	1,73	764	2,20	759	2,18
1990	648	1,42	538	1,55	539	1,55
1991	1.171	2,56	1.117	3,21	1.118	3,22
1992	1.164	2,55	1.160	3,34	1.163	3,35
1993	1.790	3,92	1.489	4,28	1.468	4,22
1994	2.504	5,48	2.031	5,84	1.986	5,71
1995	5.186	11,35	3.164	9,10	3.133	9,02
1996	5.032	11,01	3.365	9,68	3.340	9,61
1997	4.193	9,18	2.910	8,37	2.938	8,45
1998	4.129	9,04	3.124	8,98	3.127	9,00
1999	5.550	12,15	4.429	12,74	4.460	12,83
2000	4.627	10,13	3.239	9,31	3.248	9,35
2001	3.750	8,21	3.147	9,05	3.150	9,06
2002	4.168	9,12	3.464	9,96	3.490	10,04
Totais	45.697	100,00	34.773	100,00	34.753	100,00

Tabela 4 - Distribuição das características peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) dos animais nos arquivos finais, segundo o sexo do animal

Sexo	PD		PS		GP	
	N	%	N	%	N	%
F	22.210	48,60	16.580	47,68	16.598	47,76
M	23.487	51,40	18.193	52,32	18.155	52,24
Totais	45.697	100,00	34.773	100,00	34.753	100,00

Os números de observações e as estimativas de médias, desvios padrão, coeficientes de variação, mínimo e máximo para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, após as análises críticas e de consistência, encontram-se na Tabela 5.

Verifica-se que as características peso à desmama e peso ao sobreano apresentaram menores variabilidades, fato evidenciado pela magnitude dos seus respectivos coeficientes de variação. A característica ganho de peso da desmama ao sobreano mostrou-se mais variável, o que proporcionou aumento na estimativa do coeficiente de variação.

Tabela 5 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características avaliadas (em kg)

Característica	N	MED	DP	CV(%)	MIN	MAX
PD (kg)	45.697	194,85	23,30	11,96	125,10	256,30
PS (kg)	34.773	308,54	38,63	12,52	196,40	413,00
GP (kg)	34.753	110,35	29,95	27,14	28,00	193,60

Os números de observações e as estimativas de médias, desvios padrão, coeficientes de variação, mínimo e máximo para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, dentro das respectivas fazendas avaliadas, encontram-se na Tabela 6.

Tabela 6 - Números de observações (N), médias (MED), desvios padrão (DP), coeficientes de variação, mínimo (MIN) e máximo (MAX) para as características avaliadas, segundo a fazenda de mensuração (em kg)

Característica	N	MED	DP	CV(%)	MIN	MAX
Fazenda CH						
PD (kg)	10.662	196,70	22,46	11,42	125,70	256,30
PS (kg)	7.906	316,45	34,80	11,00	198,30	412,40
GP (kg)	7.913	116,58	28,43	24,38	28,20	193,60
Fazenda LA						
PD (kg)	8.947	181,24	22,41	12,36	125,10	254,80
PS (kg)	3.824	285,33	42,74	14,98	196,40	410,20
GP (kg)	3.695	102,06	35,19	34,48	28,00	193,20
Fazenda SF						
PD (kg)	26.088	198,77	22,20	11,17	125,10	256,30
PS (kg)	23.043	309,68	37,71	12,18	197,30	413,00
GP (kg)	23.145	109,54	29,12	26,58	28,70	193,60

Para a característica peso à desmama, observou-se que as Fazendas SF e CH apresentaram maiores médias em relação à Fazenda LA.

As medidas de variabilidades para os pesos à desmama nos diferentes ambientes, mostraram-se similares com desvios padrão oscilando de 22,20 a 22,46 kg. Tal variação também foi verificada nos coeficientes de variação, os quais variaram de 11,17% a 12,36%.

Para a característica peso ao sobreano, detectou-se que as Fazendas CH e SF apresentaram, novamente, médias superiores em relação à Fazenda LA. As variabilidades associadas aos diferentes ambientes não demonstraram a mesma tendência ocorrida com a característica peso à desmama. O menor desvio padrão e coeficiente de variação foi associado à Fazenda CH (34,80 kg e 11,00%) e o maior desvio padrão e coeficiente de variação foram associados à Fazenda LA (42,74 kg e 14,98%).

A característica ganho de peso da desmama ao sobreano apresentou maiores médias associadas às Fazendas CH e SF, respectivamente, e a Fazenda LA, sendo a de menor estimativa. As medidas de dispersão associadas às diferentes Fazendas mostraram-se mais variáveis em relação às demais características avaliadas. O menor desvio padrão e coeficiente de variação foi associado novamente à Fazenda CH (28,43 kg e 24,38%) e o maior desvio padrão e coeficiente de variação foram associados à Fazenda LA (35,19 kg e 34,48%).

4.2. Análises individuais para cada fazenda avaliada segundo o Modelo Touro

As análises individuais são de grande importância, pois possibilitam a avaliação da magnitude da variabilidade genética e também das discrepâncias entre as variâncias residuais obtidas em cada ambiente. O resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada para a característica peso à desmama, demonstrando as fontes de variação de particular interesse, estão apresentados na Tabela 7.

Tabela 7 - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica peso à desmama (PD) em kg²

FV	Fazenda CH		Fazenda LA		Fazenda SF	
	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺
TOUROS	144	1.319,56	124	655,33	143	1.871,80
GCDESM	388	5.787,69**	295	6.447,25**	628	8.109,72**
CIMP	7	3.223,25**	7	5.502,64**	7	9.137,75**
RESÍDUO	10.122	288,37	8.520	289,86	25.309	293,67
Média		196,70		181,24		198,77
CV(%)		8,63		9,39		8,62
\hat{S}_a^{2++}		73,24		32,55		67,67
\hat{S}_e^{2++}		289,67		290,39		293,81

GCDESM = grupos de contemporâneo à desmama; CIMP = classe de idade da mãe ao parto;

⁺ Quadrados Médios estimados por meio de quadrados mínimos (PROC GLM do SAS, 1995);

⁺⁺ Estimativas dos componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (PROC VARCOMP), utilizando método REML (SAS, 1995).

Observa-se que, para a característica peso à desmama, todas as fontes de variação foram altamente significativas (P<0,01), pelo Teste F da análise de variância, nas diferentes fazendas avaliadas. Os Quadrados Médios Residuais não apresentaram maiores variações,

revelando estabilidade das variâncias, as quais apresentaram resultado não-significativo ($P > 0,05$) pelo Teste de Bartlett. Os componentes de variância genética aditiva para as Fazendas CH e SF demonstraram magnitudes superiores em relação à Fazenda LA. Todavia, tais componentes não foram suficientemente grandes para provocar alterações nos respectivos coeficientes de variação. O resumo das análises de variância individuais em cada Ambiente avaliado para a característica peso ao sobreano, com as fontes de variação de interesse, estão apresentados na Tabela 8.

Tabela 8 - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica peso ao sobreano (PS) em kg^2

FV	Fazenda CH		Fazenda LA		Fazenda SF	
	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺
TOUROS	152	1.637,55	121	1.012,50	161	3.140,64
GC18	406	13.706,00**	160	30.392,00**	638	33.535,00**
CIMP	7	787,83**	7	2.859,44**	7	3.981,30**
RESÍDUO	7.340	510,96	8.520	559,58	22.236	487,22
Média		316,45		285,33		309,68
CV(%)		7,14		8,29		7,13
\hat{S}_a^2		119,41		87,21		170,35
\hat{S}_e^{2++}		512,59		560,17		487,56

GC18 = grupos de contemporâneo aos 18 meses; CIMP = classe de idade da mãe ao parto;

⁺ Quadrados Médios estimados por meio de quadrados mínimos (PROC GLM do SAS, 1995);

⁺⁺ Estimativas dos componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (PROC VARCOMP), utilizando método REML (SAS, 1995).

Para a característica peso ao sobreano, as fontes de variação contempladas foram altamente significativas ($P < 0,01$) para todas as Fazendas avaliadas. Os Quadrados Médios Residuais apresentaram maiores variações, em relação às verificadas para a característica peso a desmama. A despeito da Fazenda LA apresentar maior Quadrado Médio Residual, estas diferenças nas variâncias residuais apresentaram resultado não-significativo ($P > 0,05$) pelo Teste de Bartlett. Os componentes de variância genética aditiva para as Fazendas CH e SF demonstraram magnitudes superiores em relação à Fazenda LA. Todavia, estes componentes

não foram suficientemente grandes para provocar alterações bruscas nos respectivos coeficientes de variação.

O resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, demonstrando as particulares fontes de variação, estão apresentados na Tabela 9.

Tabela 9 - Resumo das análises de variância individuais em cada Fazenda avaliada e estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2) e residual (\hat{S}_e^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) em kg²

FV	Fazenda CH		Fazenda LA		Fazenda SF	
	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺	GL	QM ⁺
TOUROS	152	817,11	122	475,00	161	1.769,65
GC18	410	9.635,13**	155	21.054,00**	645	19.804,00**
CIMP	7	425,88**	7	2.156,72**	7	4.047,07**
RESÍDUO	7.343	315,48	3.410	363,42	22.331	292,64
Média		116,58		102,06		109,54
CV(%)		15,23		18,67		15,67
\hat{S}_a^{2++}		58,54		21,32		94,44
\hat{S}_e^{2++}		316,86		363,10		292,82

GC18 = grupos de contemporâneo os 18 meses; CIMP = classe de idade da mãe ao parto;

⁺ Quadrados Médios estimados por meio de quadrados mínimos (PROC GLM do SAS, 1995);

⁺⁺ Estimativas dos componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (PROC VARCOMP), utilizando método REML (SAS, 1995).

Para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, novamente as fontes de variação mostraram-se altamente significativas ($P < 0,01$), pelo Teste F, para as Fazendas avaliadas. Os Quadrados Médios Residuais apresentaram algumas variações, sendo a Fazenda LA a mais variável e as demais menos dispersas. As variâncias apresentaram resultado não-significativo ($P > 0,05$) pelo Teste de Bartlett. O componente de variância genética aditiva para Fazenda LA demonstrou magnitude inferior em relação às demais Fazendas. Este menor componente, associado ao maior Quadrado Médio Residual observado na Fazenda LA, foi suficientemente grande para provocar alteração de 3 pontos percentuais no seu respectivo coeficiente de variação. Nas demais Fazendas, não foi verificado tal comportamento.

4.3. Análises individuais para cada fazenda e para pares de fazendas avaliadas segundo o modelo animal

Inicialmente, os dados foram submetidos a análises de características únicas, a fim de se avaliar o comportamento das estimativas dos componentes de (co)variância individualmente nas Fazendas e também conjuntamente, ou seja avaliadas duas a duas. Na Tabela 10 são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância obtidas nas análises de características únicas, para cada Fazenda e para as Fazendas organizadas duas a duas.

Tabela 10 – Número de informações, estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), materna (\hat{S}_m^2), covariância entre o efeito genético aditivo direto e materno ($\hat{S}_{a,m}$), variância do efeito de ambiente permanente \hat{S}_{pe}^2 , variância residual (\hat{S}_e^2), variância fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades genética (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2), e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso à desmama (PD) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²)

Rebanhos	N	\hat{S}_a^2	\hat{S}_m^2	$\hat{S}_{a,m}$	\hat{S}_{pe}^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{h}_a^2	\hat{h}_m^2	$\hat{r}_{a,m}$	\hat{e}^2
CH	10.662	102,64	17,71	-14,44	60,50	152,50	318,93	0,32	0,06	-0,34	0,48
SF	26.088	92,31	11,41	12,42	45,16	162,00	323,30	0,29	0,04	0,38	0,50
CH e SF ^{a/}	36.750	108,04	12,31	2,34	49,61	153,32	325,62	0,33	0,04	0,06	0,47
LA	8.947	50,92	18,44	14,14	28,60	193,03	305,14	0,17	0,06	0,46	0,63
CH	10.662	102,66	17,77	-14,46	60,47	152,50	318,94	0,32	0,06	-0,34	0,48
LA e CH ^{b/}	19.609	80,14	19,07	-3,50	48,45	169,93	314,09	0,26	0,06	-0,09	0,54
LA	8.947	51,00	18,50	14,12	28,60	192,97	305,15	0,17	0,06	0,46	0,63
SF	26.088	92,37	11,40	12,43	45,15	162,00	323,33	0,29	0,04	0,38	0,50
LA e SF ^{c/}	35.035	89,15	13,00	9,50	43,47	165,53	320,62	0,28	0,04	0,28	0,52

^{a/} Análises de característica única para a característica PD nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de característica única para a característica PD nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de características únicas para a característica PD nos rebanhos LA e SF.

Observa-se que as estimativas dos componentes de variâncias aditivas foram superiores, em razão dos decréscimos nas estimativas dos componentes de variâncias residuais, em relação às estimativas obtidas nas análises sob modelo Touro (Tabela 7).

No que se refere às estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, a Fazenda CH obteve os valores de 102,64 e de 102,66, quando analisada juntamente com SF

e LA, respectivamente. Para a Fazenda LA, as estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas compreenderam 50,92 quando analisada com a Fazenda CH e 51,00 quando com SF. Já a Fazenda SF apresentou estimativas de 92,31 na análise que envolvia CH e SF e 92,37 na análise de LA e SF. Nas análises conjuntas, ou seja, avaliando-se os rebanhos de dois em dois como um único rebanho, as estimativas dos componentes de variância genética aditiva compreenderam 108,04 para o par CH e SF, 80,14 para LA e CH e 89,15 para o par de fazendas LA e SF.

Nas análises em que os rebanhos foram considerados dois a dois, as relações entre os componentes de variância residual e aditiva direta foram de 1,42 para CH e SF, 2,12 para LA e CH e de 1,86 para LA e SF. Já nas análises individuais, a Fazenda CH obteve relações de 1,49 e 1,48 nas avaliações com SF e LA, respectivamente. Já as relações da Fazenda LA compreenderam os valores de 3,79 na análise com CH e 3,78 na análise com SF. A Fazenda SF apresentou relações de 1,76 e 1,75 nas análises com as Fazendas CH e LA, respectivamente.

Os valores das estimativas encontradas para os coeficientes de herdabilidade foram de 0,32, 0,17 e 0,29 para as Fazendas CH, LA e SF, respectivamente. Quando as mesmas foram avaliadas duas a duas como um só rebanho, as estimativas de herdabilidade foram de 0,33 para CH e SF, 0,26 para LA e CH, e de 0,28 para o par LA e SF.

No que se refere às relações entre as estimativas dos componentes de variância residual e variância genética indireta (materna) nas avaliações das Fazendas individualmente, a Fazenda CH apresentou valores de 8,61 e 8,58 nas análises com SF e LA, respectivamente. A Fazenda LA obteve relações entre componente residual e genético direto de 10,47 em análise com CH e 10,43 em análise com SF. Já para a Fazenda SF, estas relações foram de 14,20 e 14,21 quando da avaliação com CH e LA, respectivamente. A análise em grupo de CH e SF apresentou relação de 12,45, enquanto para o par LA e CH esta relação foi de 8,91 e, para LA e SF, a relação obtida foi de 12,73.

As alterações nas relações entre as estimativas dos componentes residual e genético materno não afetaram as estimativas de herdabilidade materna, as quais variaram de 0,04 a 0,06. Já as correlações entre componentes genético e materno variaram de -0,34 a 0,46.

As estimativas dos componentes de variância da característica peso ao sobreano quando a característica foi analisada individualmente (dentro de cada Fazenda) e em conjunto com as outras Fazendas, a partir de análises de características únicas, são encontradas na Tabela 11.

Verifica-se novamente que as estimativas dos componentes de variância aditiva para a característica peso ao sobreano foram superiores aos obtidos nas análises sob modelo Touro (Tabela 8). Isto se deve ao uso da matriz de parentesco nas análises que utilizam o modelo animal, o que não ocorre em análises que usam equações segundo o modelo touro.

Para a característica peso ao sobreano, os resultados das estimativas dos componentes de variância para as Fazendas individuais obtidas nas análises de características únicas diferiram, embora em pequena quantidade, conforme os pares os quais estas foram avaliadas. No caso da Fazenda CH, a estimativa do componente de variância genética aditiva variou de 206,73 a 206,77 quando avaliada individualmente, nas análises com as Fazendas SF e LA, respectivamente.

Tabela 11 – Número de informações, estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso ao sobreano (PS) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²)

Rebanhos	N	\hat{S}_a^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{h}_a^2	\hat{e}^2
CH	7.906	206,73	360,20	566,93	0,36	0,64
SF	23.043	265,00	295,33	560,32	0,47	0,53
CH e SF ^{a/}	30.949	267,97	300,13	568,10	0,47	0,53
LA	3.824	169,31	430,79	600,10	0,28	0,72
CH	7.906	206,77	360,19	566,96	0,36	0,64
LA e CH ^{b/}	11.730	225,56	362,54	588,11	0,38	0,62
LA	3.824	169,65	430,49	600,13	0,28	0,72
SF	23.043	265,11	295,26	560,36	0,47	0,53
LA e SF ^{c/}	26.867	267,94	303,92	571,86	0,47	0,53

^{a/} Análises de característica única para a característica PS nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de característica única para a característica PS nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de característica única para a característica PS nos rebanhos LA e SF.

Para a Fazenda SF, os mesmos componentes variaram de 265,00 (análise com CH) a 265,11 (análise com LA). A Fazenda LA variou de 169,31 (na análise com CH) a 169,65 (na análise com SF). No caso das análises conjuntas (duas a duas), as estimativas dos componentes de variância genética aditiva aumentaram para 267,97, 225,56 e 267,94 para CH e SF, LA e CH, e LA e SF, respectivamente.

As diferenças acima citadas influenciaram de maneira mais discreta as proporções entre as estimativas dos componentes de variância residuais e aditivas para a característica

peso ao sobreano, em relação aos observados para peso a desmama. As relações entre os componentes de variância residual e variância aditiva, para os rebanhos individuais, foram 1,74, 2,54 e 1,11 para as Fazendas CH, LA e SF, respectivamente. No caso das avaliações conjuntas, os resultados obtidos foram 1,12 para CH e SF, 1,61 para LA e CH e 1,13 para LA e SF.

As alterações ocorridas nas estimativas dos componentes de variância genética aditiva para as Fazendas individuais foram suficientes para provocar alterações nas magnitudes das herdabilidades. Assim, as Fazendas CH, LA e SF obtiveram como estimativas de herdabilidades os valores 0,36, 0,28 e 0,47, respectivamente. Quando análises conjuntas foram realizadas, as estimativas de herdabilidades foram de 0,47 para CH e SF, de 0,38 para LA e CH e de 0,47 para LA e SF.

Na Tabela 12 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância da característica ganho de peso da desmama ao sobreano, quando esta foi analisada individualmente (dentro de cada Fazenda) e em conjunto com as outras Fazendas, a partir de análises de características únicas.

Tabela 12 – Número de informações, estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) nos rebanhos individuais CH, LA, SF e aos pares CH e SF, LA e CH, bem como para LA e SF, obtidas em análises de características únicas (em kg²)

Rebanhos	N	\hat{S}_a^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{h}_a^2	\hat{e}^2
CH	7.913	62,35	271,31	333,67	0,19	0,81
SF	23.145	101,35	219,35	320,70	0,32	0,68
CH e SF ^{a/}	31.058	98,85	227,20	326,05	0,30	0,70
LA	3.695	26,95	342,55	369,51	0,07	0,93
CH	7.913	62,35	271,31	333,67	0,19	0,81
LA e CH ^{b/}	11.608	60,72	287,37	348,10	0,17	0,83
LA	3.695	26,95	342,55	369,51	0,07	0,93
SF	23.145	101,35	219,35	320,70	0,32	0,68
LA e SF ^{c/}	26.840	101,71	228,63	330,34	0,31	0,69

^{a/} Análises de característica única para a característica GP nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de característica única para a característica GP nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de característica única para a característica GP nos rebanhos LA e SF.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva obtidas nas análises de características únicas para a característica GP foram de 62,31 para a Fazenda CH, 26,95 para LA e 101,35 para a Fazenda SF, quando avaliadas individualmente. Quando das análises em que cada grupo de dois rebanhos, considerados como únicos, as estimativas dos componentes de variância genética aditiva foram de 98,85, 60,72 e 101,72 para os pares de Fazendas CH e SF, LA e CH e LA e SF, respectivamente.

Comparativamente às outras variáveis estudadas, as relações entre os componentes de variância residual e aditiva mostraram decréscimo da participação do efeito genético aditivo na determinação do ganho de peso da desmama ao sobreano nas Fazendas individualmente. Os valores obtidos foram 4,35 para CH, 12,71 para LA e 2,16 para SF. O mesmo ocorreu nas análises conjuntas dos rebanhos, porém com menores distorções, sendo encontrados relações de 2,29, 4,73 e 2,25 para os rebanhos agrupados dois a dois CH e SF, LA e CH e LA e SF, respectivamente.

Pode-se dizer que esta ocorrência refletiu diretamente sobre as estimativas das herdabilidade da variável estudada, os quais se mostraram relativamente baixos. Individualmente, para as Fazendas CH, LA e SF, foram encontrados respectivamente os valores 0,19, 0,07 e 0,32. Nas análises conjuntas, observando-se os pares de Fazendas, para as Fazendas CH e SF, observou-se estimativa de herdabilidade de 0,30. Para o conjunto LA e CH, a estimativa foi de 0,17, enquanto para LA e SF, a estimativa de herdabilidade foi de 0,31.

4.4. Análises de características múltiplas, considerando a interação genótipos x ambientes

Nas análises de características múltiplas, as Fazendas foram analisadas duas a duas, considerando-se a variável de cada Fazenda como características distintas. As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, materna, covariâncias genéticas aditivas diretas e maternas, componentes de variância de ambiente permanente, residual e fenotípica, além da relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicos para a característica peso à desmama obtidas nos três rebanhos por meio de análises de características múltiplas, encontram-se na Tabela 13. As estimativas de herdabilidades direta e materna, e correlações genéticas entre os efeitos genéticos diretos e maternos para a característica peso à desmama nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas, estão descritas na Tabela 14.

Tabela 13 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), materna (\hat{S}_m^2), das covariâncias genéticas aditivas diretas e maternas ($\hat{S}_{a,a}$, $\hat{S}_{m,m}$, $\hat{S}_{a,m}$), componentes de variância de ambiente permanente (\hat{S}_{pe}^2), residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{c}^2) para a característica peso à desmama (PD) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg²)

Rebanhos	\hat{S}_a^2	\hat{S}_m^2	$\hat{S}_{a,a}$	$\hat{S}_{m,m}$	$\hat{S}_{a,m}$	\hat{S}_{pe}^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{c}^2
CH ^{a/}	106,96	6,97	---	---	-5,70	62,12	150,22	320,58	0,47
SF ^{a/}	107,89	10,82	99,96	8,50	6,46	47,30	154,26	326,72	0,47
LA ^{b/}	51,97	21,55	---	---	12,09	27,82	192,16	305,61	0,63
CH ^{b/}	97,62	18,54	56,40	18,64	-13,54	60,27	155,21	318,11	0,49
LA ^{c/}	64,51	25,80	---	---	5,30	26,70	186,18	308,49	0,60
SF ^{c/}	101,94	13,90	73,47	14,00	6,84	45,65	187,19	325,51	0,48

^{a/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e SF.

Nas análises de características múltiplas, as Fazendas CH e SF obtiveram como estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta os valores de 106,96 e 107,89 para CH e SF, respectivamente. No caso da Fazenda CH, o valor deste componente decresceu para 97,62 quando foi analisado conjuntamente à Fazenda LA, a qual apresentou uma estimativa de variância genética aditiva direta de 51,97 nesta mesma análise. Na avaliação do conjunto LA e SF, o valor do componente aditivo direto da Fazenda LA aumentou para 64,51, enquanto para a Fazenda SF observou-se redução para 101,94. Com exceção da Fazenda CH na análise conjunta das Fazendas LA e CH, os componentes de variância genética aditiva direta obtidos nas análises de características múltiplas foram superiores àqueles obtidos em análises de características únicas.

Quanto às relações entre as estimativas dos componentes de variância residual e genética aditiva direta, no caso das análises para CH e SF, as relações encontradas foram de 1,40 e 1,43 respectivamente. Já para as Fazendas LA e CH, as estimativas foram, respectivamente, de 3,70 e 1,60. Para os rebanhos LA e SF, as mesmas relações variaram de 2,90 para a Fazenda LA e 1,84 para a Fazenda SF.

A partir destes resultados observou-se que, quando avaliadas conjuntamente à Fazenda LA, houve decréscimo da variância genética aditiva direta em relação à variância residual nas Fazendas CH (redução de 14,3%) e SF (redução de 28,7%). Este comportamento afetou negativamente a magnitude das estimativas das herdabilidades diretas nestas duas Fazendas, sendo que a Fazenda CH apresentou herdabilidades de 0,31 quando avaliada em conjunto com LA e de 0,33 quando avaliada com SF. Já para a Fazenda SF, observou-se o valor de 0,31 na análise com LA e de 0,33 na análise com CH. A Fazenda LA apresentou estimativas de herdabilidade de 0,17 quando analisada com a Fazenda CH e de 0,21 quando com SF. Há relatos na literatura de que existe certa tendência das herdabilidades não serem constantes, alterando conforme o nível de produção ou a variância fenotípica do rebanho (BALIEIRO et al., 2004). Balieiro (2001) constatou em seus estudos maiores valores de correlações genéticas entre níveis de variabilidade próximos, provavelmente pela maior associação genética entre estes níveis. Assim, uma justificativa para as alterações nas herdabilidades das Fazendas CH e SF quando em análise com LA, seria a disparidade da variabilidade de LA em relação às outras duas Fazendas. Dickerson (1962) alertou que podem existir problemas ao trabalhar com dados coletados em campo, sugerindo que pelo menos parte do efeito da interação do reprodutor com o rebanho se deve à heterogeneidade de variância do resíduo e/ou da genética aditiva dentro de cada rebanho. Isso pode ser devido ao uso de número pequeno de reprodutores, acasalamentos direcionados e tratamentos preferenciais em cada rebanho.

Esta tendência causada pela Fazenda LA também pode ser verificada através da comparação entre os resultados obtidos nas análises de características múltiplas em relação aos de características únicas. Apenas na Fazenda LA a relação entre as estimativas dos componentes de variância residual e genética aditiva direta foi inferior àquela obtida nas análises de características únicas.

Apesar desta tendência, as estimativas de herdabilidade direta encontradas para peso à desmama estão dentro da variação dos valores relatados na literatura para esta característica na raça Nelore (ELER et al., 2000; TORAL et al., 2004; RORATO et al., 2005). Souza et al. (1998) estudou o efeito do ambiente sobre o peso aos 205 dias em quatro regiões brasileiras, constatando estimativas de herdabilidade que se estenderam de 0,25 a 0,39. Estudando os efeitos da inclusão da interação touro x rebanho no modelo, Eler et al. (2000) verificaram estimativas de herdabilidade variando de 0,23 (considerando a interação) a 0,28 (desconsiderando a interação) para o peso aos 550 dias. Rorato et al. (2005) observaram

oscilações nas estimativas de herdabilidade entre 0,41 e 0,47 em populações dos Estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Comparando os efeitos do ambiente sobre o peso à desmama em três micro-regiões do Estado de Mato Grosso do Sul, Toral et al. (2004) obtiveram herdabilidades variando de 0,36 a 0,59.

No que se refere às relações entre as estimativas dos componentes de variância residual e genética indireta (materna), a análise conjunta de CH e SF gerou relações de 21,55 para CH e 14,26 para SF, respectivamente. Já para o conjunto LA e CH, estes valores foram de 8,92 para LA e 8,38 para CH, enquanto para o par LA e SF, as relações encontradas foram de 7,22 e 13,47, respectivamente. Nota-se que, contrariamente ao ocorrido com as relações descritas anteriormente, houve aumento da variância genética aditiva indireta em relação à variância residual nas Fazendas CH (acrécimo de 157%) e SF (acrécimo de 5,86%) quando estas foram avaliadas em conjunto com a Fazenda LA. Tal ocorrência refletiu no incremento das estimativas das herdabilidades maternas destes rebanhos quando em análise com a Fazenda LA. Para o conjunto CH e SF, a estimativa de herdabilidade materna encontrada para CH foi de 0,02, e para SF, de 0,03. No caso de LA e CH, a Fazenda LA apresentou herdabilidade de 0,07, enquanto para CH este foi de 0,06. Já para o conjunto LA e SF, as estimativas foram de 0,08 para LA e de 0,04 para SF. Estes valores estão próximos daqueles encontrados por Eler et al. (2000), os quais verificaram como estimativa de herdabilidade materna o valor de 0,06 para peso à desmama, tanto para análises que consideraram quanto para as que não consideraram a interação touro x rebanho. De acordo com estes mesmos autores, nas análises para predição do valor genético em gado de corte, normalmente assumem-se os efeitos genéticos direto e materno como correlacionados e não é incluída a interação genótipo x ambiente no modelo. Dessa forma, a covariância, em geral negativa, pode estar inflada em sua magnitude pela interação, levando a uma ordenação incorreta dos animais.

O efeito genético indireto (materno) é dado como o efeito dos genes da mãe do indivíduo, condicionando o ambiente que esta provê a seu produto durante a gestação e na fase de aleitamento (ELER, 1999). A quantificação desta forma indireta de expressão gênica é passível de sofrer influência do ambiente. Progênie criadas na fase de pré-desmama em ambientes menos favoráveis, possivelmente fornecerão maiores espaços para a expressão do efeito materno sobre seu desenvolvimento, o que será expresso na forma de maiores estimativas de componentes de variância genética materna e herdabilidades maternas. Dentro deste conceito, possivelmente por um ambiente menos propício ao crescimento dos animais, a

Fazenda LA seria a responsável pelas alterações do comportamento das estimativas dos efeitos direto e materno nas Fazendas CH e SF, quando analisadas junto a esta.

Segundo Toral (2004), é constante a tendência de se minimizar a importância da interação genótipo x ambiente, visto que a menor variância genética manifestada em determinados ambientes tende a ser compensada por valores elevados de outras, como é o caso das variâncias genética direta e materna. Para o peso ao nascimento e à desmama, parte desta interação pode ser atribuída à interação do genótipo da mãe com o ambiente da mesma. (EUCLIDES FILHO, 1984). Considerando que a correlação negativa entre os efeitos genéticos direto e materno pode ser resultado de estimação incorreta, alguns autores sugerem que este efeito sejam assumidos como não correlacionados na predição de valores genéticos (ELER et al., 2000).

Observando a magnitude destes efeitos, nos chama a atenção uma outra questão das avaliações genéticas, ou seja, o papel desempenhado pelas fêmeas neste contexto. Segundo Brotherstone e Hill (1986), o efeito da heterogeneidade de variância sobre as avaliações genéticas das fêmeas é potencialmente mais sério, pois estas geralmente expressam todas as suas produções em um único rebanho. O não reconhecimento da heterogeneidade de variância nas avaliações de fêmeas provocaria a tendência de favorecimento das fêmeas que produziram em rebanhos com elevada variância, ocorrendo o oposto em rebanhos com baixa variância. Assim, a maior variabilidade da Fazenda LA, somada às condições menos favoráveis deste ambiente, poderiam estar favorecendo os efeitos genéticos maternos das fêmeas, e, por consequência, influenciando positivamente os componentes de variância genética indireta das outras duas Fazendas quando analisadas junto a esta.

As correlações entre as estimativas dos componentes genético e materno variaram de -0,32 a 0,36 (Tabela 14). Eler et al. (1995) observou a correlação entre as estimativas de componentes genético direto e materno de -0,13 em um rebanho Nelore. Para estes autores, os resultados encontrados para efeitos genéticos maternos mostraram que a contribuição deste componente para a variância fenotípica do peso à desmama não é tão alta, mas ainda mantém-se presente após a desmama. Ao estudar a interação touro x região na raça Bonsmara em quatro regiões africanas, Nephawe et al. (1999) observaram correlações entre componentes genéticos diretos e maternos acima dos encontrados neste trabalho, variando de 0,52 a 0,79.

Quanto às correlações entre as estimativas dos componentes de variância genéticos aditivos, estas foram de 0,93 para o conjunto CH e SF, 0,79 para LA e CH e de 0,91 para LA e SF. Ferreira et al. (2001) obtiveram, entre duas fazendas, a correlação genética no valor de

0,95 para peso aos 205 dias, concluindo um menor efeito da interação genótipo x ambiente até a desmama, porém, com efeito mais acentuado no período pós-desmama. As correlações genéticas encontradas por Mattos et al. (2000), ao compararem os efeitos do ambiente sobre o peso à desmama em animais Hereford nos EUA, Uruguai e Canadá estão dentro daquelas observadas neste trabalho, variando de 0,86 a 0,90.

Tabela 14 - Estimativas de herdabilidades direta (\hat{h}_a^2) e materna (\hat{h}_m^2) e correlações genéticas entre os efeitos genéticos diretos (\hat{r}_a^2) e maternos ($\hat{r}_{a,m}$) para a característica peso à desmama (PD) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas

Rebanhos	\hat{h}_a^2	\hat{h}_m^2	$\hat{r}_{a,m}$	$\hat{r}_{a,a}$
CH ^{a/}	0,33	0,02	-0,21	
SF ^{a/}	0,33	0,03	0,19	0,93
LA ^{b/}	0,17	0,07	0,36	
CH ^{b/}	0,31	0,06	-0,32	0,79
LA ^{c/}	0,21	0,08	0,13	
SF ^{c/}	0,31	0,04	0,18	0,91

^{a/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e SF.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual, fenotípica, herdabilidades, correlações genéticas e a relação entre os componentes de variância residual e fenotípica para a característica peso ao sobreano, obtidos a partir das análises para características múltiplas nas três Fazendas, são apresentados na Tabela 15.

Quando analisada conjuntamente com a Fazenda SF em análises de características múltiplas, a Fazenda CH obteve como estimativa do componente de variância genética aditiva o valor de 234,98. Já em análise conjunta com a Fazenda LA, este valor foi de 216,21. No caso da Fazenda SF, os valores encontrados para este mesmo componente foram de 272,53 quando em análise com a Fazenda CH e de 265,97 quando em conjunto com LA. As estimativas dos componentes de variância genética aditiva para a Fazenda LA variaram de 187,95 a 216,29, quando analisada em conjunto com as Fazendas SF e CH, respectivamente.

As relações das estimativas dos componentes de variância residual e variância genética direta demonstraram acréscimos da participação do efeito genético para a

característica peso ao sobreano, quando em comparação às análises de características únicas. Para o conjunto CH e SF as relações foram de 1,45 e 1,07, respectivamente.

Tabela 15 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2), correlações genéticas (\hat{r}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica peso ao sobreano (PS) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg²)

Rebanhos	\hat{S}_a^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{h}_a^2	\hat{r}_a^2	\hat{e}^2
CH ^{a/}	234,98	341,37	576,34	0,41		0,59
SF ^{a/}	272,53	290,99	563,52	0,48	1,00	0,52
LA ^{b/}	216,29	354,03	570,32	0,38		0,62
CH ^{b/}	216,21	396,85	613,05	0,35	0,92	0,65
LA ^{c/}	187,95	417,94	605,84	0,31		0,69
SF ^{c/}	265,97	294,84	560,81	0,47	0,81	0,53

^{a/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos LA e SF.

Nas análises conjuntas para LA e CH, as relações variaram de 1,64 para LA a 1,84 para CH. Já nas análises conjuntas LA e SF, as relações foram de 2,22 e 1,11, respectivamente.

As reduções das relações descritas nas análises de características múltiplas em relação às de características únicas tiveram por conseqüência o aumento das estimativas de herdabilidade para a característica peso ao sobreano. Para o conjunto CH e SF, foram estimadas herdabilidades de 0,41 para a Fazenda CH e 0,48 para SF. No caso da análise conjunta de LA e CH, estes valores foram de 0,38 para LA e 0,35 para CH, enquanto que para o conjunto LA e SF, os valores estimados foram de 0,31 e 0,47 para as Fazendas LA e SF, respectivamente. Estes valores foram relativamente superiores aos encontrados na literatura, para esta e outras raças. Estudando a interação genótipo x ambiente na raça Nelore em duas fazendas, Ferreira et al., (2001) encontraram como estimativas de herdabilidade os valores 0,17 e 0,23 para peso aos 550 dias. Na raça Tabapuã, Campelo et al. (2003) observaram valores de herdabilidades para crescimento pós-desmama variando de 0,17 a 0,22. Já Balieiro (2001), encontrou valores mais próximos daqueles observados neste trabalho, com estimativas de herdabilidade que variavam de 0,31 a 0,45 para a característica peso ao sobreano na raça

Nelore. Observou-se que, nas análises que envolveram a Fazenda LA, a proporção dos componentes de variância genética aditiva direta sofreram queda em relação aos componentes residuais nas Fazendas CH e SF, com conseqüentes quedas nas estimativas de herdabilidade das mesmas.

As correlações genéticas obtidas para a característica peso ao sobreano nas análises conjuntas compreenderam 1,00, 0,92 e 0,82 para CH e SF, LA e CH e LA e SF, respectivamente. A estimativa de correlação genética observada para os rebanhos LA e SF sugere um possível efeito da interação genótipo x ambiente, indicando que os genes que controlam o peso ao sobreano na Fazenda LA podem não ser os mesmos que o controlam o peso ao sobreano na Fazenda SF. Estes resultados diferem em grande escala quando comparados aos observados por Simonelli et al. (2004). Estudando a interação genótipo x ambiente na raça Nelore em cinco regiões do Estado de Mato Grosso do Sul, estes autores constataram baixas correlações genéticas para a característica peso aos 550 dias, as quais variaram de 0,026 a 0,12. Para esta mesma característica, Balieiro (2001) observou correlações variando de 0,93 a 0,99 também em animais Nelore.

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva, residual, fenotípica, herdabilidades, correlações genéticas e a relação entre os componentes de variância residual e fenotípica para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidos a partir das análises de características múltiplas nas três Fazendas, são apresentados na Tabela 16.

Tabela 16 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (\hat{S}_a^2), variância residual (\hat{S}_e^2), fenotípica (\hat{S}_p^2), herdabilidades (\hat{h}_a^2), correlações genéticas (\hat{r}_a^2) e relação entre os componentes de variâncias residuais e fenotípicas (\hat{e}^2) para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) nos rebanhos CH, LA e SF, obtidas em análises de características múltiplas (em kg²)

Rebanhos	\hat{S}_a^2	\hat{S}_e^2	\hat{S}_p^2	\hat{h}_a^2	\hat{r}_a	\hat{e}^2
CH ^{a/}	74,88	262,22	337,10	0,22		0,77
SF ^{a/}	103,06	218,22	321,29	0,32	0,98	0,68
LA ^{b/}	39,87	332,39	372,26	0,11		0,89
CH ^{b/}	63,47	270,55	334,03	0,19	0,84	0,80
LA ^{c/}	43,39	330,07	373,47	0,12		0,88
SF ^{c/}	101,61	219,20	320,81	0,32	0,86	0,68

^{a/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos LA e CH.

^{c/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos LA e SF.

Na avaliação das Fazendas CH e SF conjuntamente, as análises de características múltiplas forneceram como estimativas de componentes de variância genética aditiva os valores de 74,88 para a Fazenda CH e 103,06 para a Fazenda SF. Para os rebanhos LA e CH, as estimativas obtidas foram, respectivamente 39,87 e 63,47 para as Fazendas LA e CH. Nas Fazendas LA e SF, estas estimativas foram de 43,39 e 101,61 para LA e SF, respectivamente.

No que diz respeito às relações entre as estimativas dos componentes de variância residual e genética aditiva, no caso das análises para CH e SF, as relações encontradas foram de 3,50 e 2,12 respectivamente. Já para as Fazendas LA e CH, as estimativas foram, respectivamente, de 8,34 e 4,26. Para os rebanhos LA e SF, as mesmas relações variaram de 7,61 para a Fazenda LA e 2,16 para a Fazenda SF. Mais uma vez notou-se que as avaliações conjuntas com a Fazenda LA influenciaram negativamente os componentes de variância genética aditiva direta das Fazendas CH e SF.

As relações entre as estimativas dos componentes de variância residual e genética aditiva direta da variável ganho de peso da desmama ao sobreano obtidas em análises de características múltiplas demonstraram comportamento análogo aos daquelas encontradas para peso ao sobreano, acusando incremento da participação do efeito genético sobre a determinação do ganho de peso da desmama ao sobreano quando comparado às análises de características únicas. Esta tendência tem sido relatada por vários autores (TORRES et al., 2000; BALIEIRO et al., 2004). Ao estudar a heterogeneidade de variâncias para estas mesmas características, Balieiro (2001) concluiu que o aumento do número de informações nas análises conjuntas, utilizando as relações entre os animais nos diferentes níveis de variabilidades filtram maiores proporções de variância genética aditiva, que antes eram adicionadas ao componente residual. Assim, a utilização de componentes de covariância entre as variáveis possibilita a obtenção de estimativas de variância mais apuradas, “desinflando” o componente da variância residual a favor dos componentes de variância genéticos aditivos. Outro aspecto favorável à melhoria das acurácias das estimativas dos componentes de (co)variâncias consiste na matriz de parentesco entre os animais, pois a inclusão do grau de parentesco entre os mesmos possibilita a predição de valores genéticos mais confiáveis.

O aumento das estimativas dos componentes de variância genética aditiva e redução dos componentes residuais nas análises de características múltiplas levaram a acréscimos nas estimativas de herdabilidade para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano. Nas Fazendas CH e SF, as estimativas foram 0,22 e 0,32, respectivamente, quando das análises para o par de Fazendas CH e SF. Já para o conjunto LA e CH, foram encontradas

estimativas de 0,11 para a Fazenda LA e 0,19 para a Fazenda SF. Por fim, na análise conjunta das Fazendas LA e SF, as estimativas de herdabilidade obtidas foram de 0,12 e 0,32 para as Fazendas LA e SF, respectivamente. Estes valores podem ser considerados próximos daqueles encontrados na literatura. Pesquisando os efeitos da interação touro x rebanho utilizando modelos com e sem interação sobre o ganho de peso na raça Nelore, Eler et al. (2000) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,21 (modelo considerando a interação) e 0,23 (modelo desconsiderando a interação). Na raça Charolesa, Donoghue e Bertrand (2004) encontraram estimativas de herdabilidade variando de 0,14 a 0,24, estudando o ganho de peso pós-desmama no Canadá, EUA, Austrália e Nova Zelândia. Campelo et al. (2003) verificaram, em dados de crescimento pós-desmama na raça Tabapuã, estimativas de herdabilidade que variaram de 0,17 a 0,22.

No tocante às correlações genéticas, a estimativa obtida nas análises de características múltiplas nas Fazendas LA e CH (0,84) e LA e SF (0,86), indicam a possível presença da interação genótipo x ambiente sobre a característica em questão. Estes resultados sugerem que o bloco gênico que controlam o ganho de peso da desmama ao sobreano na Fazenda LA não seriam coincidentes em sua totalidade com aqueles que o controlam a característica na Fazenda CH, valendo o mesmo raciocínio para os rebanhos LA e SF. Esta constatação, a depender de sua magnitude, poderia trazer como consequência de reclassificações dos reprodutores quando avaliados nestas Fazendas.

Já na análise dos rebanhos CH e SF, esta interação não se mostrou tão evidente, o que pode ser afirmado com base na estimativa de correlação genética obtida entre estes rebanhos (0,98). DONOGHUE & BERTRAND (2004) constataram correlações genéticas semelhantes para ganho de peso pós-desmama na raça Charolesa, variando de 0,89 a 0,94. LEE e BERTRAND (2002) verificaram (entre Argentina, Estados Unidos, Uruguai e Canadá) maior magnitude de correlações genéticas para esta mesma característica em animais Hereford, as quais variaram de 0,51 a 0,92.

4.5 Correlações de Pearson entre as diferenças esperadas na progênie (DEPs) dos touros

As correlações de Pearson entre as DEPs de todos os reprodutores para a característica peso à desmama mostraram-se elevadas, podendo ser observadas na Tabela 17.

Tabela 17 – Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica peso à desmama (PD) obtidas a partir de análises de características únicas e em análises de características múltiplas

Fazendas CH e SF			
	CH e SF ^{a/}	CH ^{b/}	SF ^{b/}
CH e SF ^{a/}	1,00	0,98	0,99
CH ^{b/}	0,98	1,00	0,97
SF ^{b/}	0,99	0,97	1,00
Fazendas LA e CH			
	LA e CH ^{c/}	LA ^{d/}	CH ^{d/}
LA e CH ^{c/}	1,00	0,96	0,96
LA ^{d/}	0,96	1,00	0,89
CH ^{d/}	0,96	0,89	1,00
Fazendas LA e SF			
	LA e SF ^{e/}	LA ^{f/}	SF ^{f/}
LA e SF ^{e/}	1,00	0,98	0,99
LA ^{f/}	0,98	1,00	0,96
SF ^{f/}	0,99	0,96	1,00

^{a/} Análise de características únicas para a característica PD nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos CH e SF.

^{c/} Análise de características únicas para a característica PD nos rebanhos LA e CH.

^{d/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e CH.

^{e/} Análise de características únicas para a característica PD nos rebanhos LA e SF.

^{f/} Análises de características múltiplas para a característica PD nos rebanhos LA e SF.

A correlação de Pearson mede a proporção com que se alteram as DEPs dos touros quando estimadas em diferentes regiões. Por exemplo, a proporção com que a DEP de um determinado reprodutor se altera em dois ambientes pode não ser a mesma proporção comparada às alterações da DEP de outro touro.

As estimativas de correlações de Pearson entre as DEPs para peso à desmama dos touros foram de 0,98 entre o par CH-SF e a Fazenda CH e de 0,99 entre o par CH-SF e a Fazenda SF. Embora não tenha sido realizado teste para verificação da significância, a diferença entre estas estimativas poderia ser resultante da quantidade de informações avaliadas em cada fazenda. Neste caso, a Fazenda CH contou com 10.662 informações para peso à desmama, enquanto a Fazenda SF detinha 26.088 informações. Embora o arquivo de

pedigree, composto por 53.132 animais, seja o mesmo para ambas as fazendas, a disparidade entre a quantidade de dados entre elas pode ter interferido nas estimativas destas correlações.

No par de Fazendas LA e CH, as estimativas das correlações de Pearson foram menores, correspondendo a 0,96 tanto para as análises de LA-CH e LA quanto para o conjunto LA-CH e CH. A menor estimativa de correlação de Pearson deste caso em relação às análises das Fazendas CH e SF seria um indicativo que as DEPs dos reprodutores representados nas Fazendas LA e CH sofrem maiores alterações quando avaliados em ambientes diferentes, em comparação ao que ocorre nas Fazendas CH e SF. O menor número de informações das fazendas analisadas (10.662 informações de CH e 8.947 informações de LA) também pode ter interferido na obtenção da menor estimativa de correlação para LA e CH. No que diz respeito às Fazendas LA e SF, as estimativas das correlações entre as DEPs dos reprodutores foram de 0,98 para o conjunto LA-SF e LA e 0,99 para LA-SF e SF.

Estes resultados estão próximos daqueles observados por Dodenhoff et al (1999), os quais encontraram o valor de 0,97 como correlação de Pearson entre valores genéticos de peso à desmama na raça Angus, entre modelos que consideraram e que desconsideraram a interação genótipo x ambiente. Estes mesmos autores observaram que, a magnitude destas correlações foi menor quando a interação era incluída no modelo.

Para a característica peso à desmama na raça Simental, Lee e Pollak (1997) também encontraram correlações entre DEPs no valor de 0,97. Por outro lado, Toral et al (2004) observaram baixas correlações de Pearson entre os valores genéticos de touros para a característica peso à desmama, as quais se estenderam de 0,33 a 0,44 entre as três microrregiões e de 0,86 a 0,89 entre cada microrregião e o arquivo completo das três.

Segundo estudos envolvendo heterogeneidade de variância (CAMPELO et al., 2003), a diferença de variabilidade entre os ambientes tem por capacidade interferir na determinação das DEPs em diferentes ambientes, bem como na correlação entre elas. Estudando o efeito da heterogeneidade de variância sobre características de desempenho na raça Tabapuã, Campelo et al. (2003) constatou que a correlação de Pearson é reduzida quando da comparação entre DEPs provindas de rebanhos de baixa e alta variabilidades. Estes autores observaram correlações variando de 0,93 a 0,99 entre DEPs de reprodutores avaliados, respectivamente, entre análises únicas e ambientes de variabilidade baixa e variabilidade alta.

Para a característica peso ao sobreano, pode-se observar na Tabela 18 as correlações de Pearson encontradas entre as DEPs dos reprodutores dentro dos diferentes pares de Fazendas.

Tabela 18 – Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica peso ao sobreano (PS) obtidas a partir de análises de características únicas e análises de características múltiplas

Fazendas CH e SF			
	CH e SF ^{a/}	CH ^{b/}	SF ^{b/}
CH e SF ^{a/}	1,00	0,99	0,99
CH ^{b/}	0,99	1,00	0,99
SF ^{b/}	0,99	0,99	1,00
Fazendas LA e CH			
	LA e CH ^{c/}	LA ^{d/}	CH ^{d/}
LA e CH ^{c/}	1,00	0,99	0,99
LA ^{d/}	0,99	1,00	0,97
CH ^{d/}	0,99	0,97	1,00
Fazendas LA e SF			
	LA e SF ^{e/}	LA ^{f/}	SF ^{f/}
LA e SF ^{e/}	1,00	0,96	0,98
LA ^{f/}	0,96	1,00	0,95
SF ^{f/}	0,98	0,95	1,00

^{a/} Análise de características únicas para a característica PS nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos CH e SF.

^{c/} Análise de características únicas para a característica PS nos rebanhos LA e CH.

^{d/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos LA e CH.

^{e/} Análise de características únicas para a característica PS nos rebanhos LA e SF.

^{f/} Análises de características múltiplas para a característica PS nos rebanhos LA e SF.

Para a característica peso ao sobreano, a estimativa de correlação de Pearson das DEPs dos reprodutores do par de Fazendas CH-SF foi de 0,99 tanto entre este e a Fazenda CH quanto para a Fazenda SF. O mesmo aconteceu com as análises que envolviam a dupla LA-CH, cujas estimativas de correlações de Pearson foram no valor de 0,99 entre LA-CH e LA e entre LA-CH e CH. No que se refere ao par LA-SF, as estimativas de correlações de Pearson foram menores. Entre o conjunto LA-SF e LA, a estimativa de correlação de Pearson foi de 0,96. Entre a dupla LA-SF e a Fazenda SF, a correlação estimada foi de 0,98.

Os valores das estimativas de correlações acima descritas estão ligeiramente acima daqueles observados por Balieiro (2001), o qual obteve correlações de Pearson variando de 0,97 a 0,99 entre valores genéticos de reprodutores Nelore para peso ao sobreano entre três níveis de variabilidade, em escala original (obtida por análises de características únicas) e específicas (obtidas por análises de características múltiplas). Para os valores genéticos das vacas, esta variação foi de 0,91 a 0,93.

No trabalho de Toral et al. (2004), as estimativas de correlações de Pearson entre valores genéticos para peso ao sobreano foram semelhantes às do peso à desmama, ou seja, variaram de 0,306 a 0,471 entre as três microrregiões e de 0,86 a 0,87 entre cada microrregião e o arquivo completo das três. Estes autores sugeriram a inclusão da região de nascimento do animal quando da realização de avaliação genética de animais de reprodução.

Na característica ganho de peso da desmama ao sobreano, o par de Fazendas CH-SF manteve o mesmo comportamento da característica peso ao sobreano, com estimativas de correlações de Pearson nos valores de 0,99. Entre LA-CH e LA, a estimativa de correlação das DEPs foi de 0,98, enquanto que para a dupla LA-CH e a Fazenda CH, a estimativa foi de 0,97.

As Fazendas LA e SF apresentaram, em relação ao conjunto LA-SF, estimativas de correlações nos valores de 0,98 para ambas. Percebe-se que a diferença do número de informações analisadas para a característica no arquivo de LA (3.695 dados) e SF (23.145 informações) não se fez suficiente para influenciar os valores das correlações. As estimativas de correlações de Pearson observadas para as DEPs para ganho de peso da desmama ao sobreano entre reprodutores encontradas neste estudo foram próximas daquelas encontradas por Balieiro (2001), cujas correlações entre graus de variabilidade em escala original e específicas foram de 0,96 a 0,99. As estimativas das correlações de Pearson para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano estão representadas na Tabela 19.

Tabela 19 – Correlações de Pearson entre as DEPs dos reprodutores para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) obtidas a partir de análises de características únicas e em análises de características múltiplas

Fazendas CH e SF			
	CH e SF ^{a/}	CH ^{b/}	SF ^{b/}
CH e SF ^{a/}	1,00	0,99	0,99
CH ^{b/}	0,99	1,00	0,99
SF ^{b/}	0,99	0,99	1,00
Fazendas LA e CH			
	LA e CH ^{c/}	LA ^{d/}	CH ^{d/}
LA e CH ^{c/}	1,00	0,97	0,98
LA ^{d/}	0,98	1,00	0,97
CH ^{d/}	0,97	0,97	1,00
Fazendas LA e SF			
	LA e SF ^{e/}	LA ^{f/}	SF ^{f/}
LA e SF ^{e/}	1,00	0,98	0,98
LA ^{f/}	0,98	1,00	0,96
SF ^{f/}	0,98	0,96	1,00

^{a/} Análise de características únicas para a característica GP nos rebanhos CH e SF.

^{b/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos CH e SF.

^{c/} Análise de características únicas para a característica GP nos rebanhos LA e CH.

^{d/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos LA e CH.

^{e/} Análise de características únicas para a característica GP nos rebanhos LA e SF.

^{f/} Análises de características múltiplas para a característica GP nos rebanhos LA e SF.

As altas estimativas de correlações de Pearson observadas entre as DEPs dos touros para as características em estudo é um indicador de que estes seriam classificados de maneiras semelhantes nas análises que desconsideram a interação genótipo x ambiente (onde as Fazendas são analisadas como apenas um rebanho em análises de características únicas) e naquelas que consideram este tipo de interação (onde as Fazendas são analisadas como características distintas em análises de características múltiplas). As correlações entre os valores genéticos e entre a classificação dos animais assumem grande importância quando se considera que, em programas de seleção, apenas os indivíduos com os melhores valores genéticos são escolhidos para reprodução e, sendo os valores de correlação baixos, um touro escolhido com base nas informações dos filhos criados em determinada região poderia não ser escolhido se avaliado pelas informações de seus filhos criados em outras regiões (TORAL et al., 2004)

Com base nas DEPs para as características peso à desmama, peso ao sobreano e ganho de peso da desmama ao sobreano, obtidos por meio das análises de características

únicas e múltiplas, foram selecionados e classificados os 30% melhores reprodutores em cada análise. Dentro desta seleção, foram calculadas as porcentagens de animais em comum entre os pares de Fazendas e as Fazendas individuais, para cada característica, como mostra a Tabela 20.

Tabela 20 – Número total de reprodutores e número de reprodutores dentro dos 30% selecionados dentro dos pares de Fazendas CH e SF, LA e CH e LA e SF, bem como os índices de discordância (porcentagens de indivíduos classificados nas fazendas individuais não comuns aos classificados nas duplas de fazendas), para as características Peso à Desmama (PD), Peso ao Sobreano (PS) e Ganho de Peso da Desmama ao Sobreano (GP).

Peso à Desmama					
Fazendas	Total	Selecionados	CH ^{d/}	SF ^{e/}	LA ^{f/}
CH e SF ^{a/}	406	122	6,56%	2,28%	-
LA e CH ^{b/}	335	100	14,00%	-	11,00%
LA e SF ^{c/}	410	123	-	4,07%	8,94%
Peso ao Sobreano					
Fazendas	Total	Selecionados	CH ^{d/}	SF ^{e/}	LA ^{f/}
CH e SF ^{a/}	414	124	3,33%	2,42%	-
LA e CH ^{b/}	325	97	3,06%	-	5,10%
LA e SF ^{c/}	393	118	-	5,08%	13,66%
Ganho de Peso da Desmama ao Sobreano					
Fazendas	Total	Selecionados	CH ^{d/}	SF ^{e/}	LA ^{f/}
CH e SF ^{a/}	419	126	4,76%	3,97%	-
LA e CH ^{b/}	326	98	8,16%	-	7,14%
LA e SF ^{c/}	396	119	-	6,72%	10,92%

^{a/} DEPs obtidas por análises de características únicas nas Fazendas CH e SF.

^{b/} DEPs obtidas por análises de características únicas nas Fazendas LA e CH.

^{c/} DEPs obtidas por análise de características únicas nas Fazendas LA e SF.

^{d/} DEPs da Fazenda CH obtidas por meio de análises de características múltiplas entre as Fazendas CH e SF e/ou LA e CH.

^{e/} DEPs da Fazenda SF obtidas por meio de análises de características múltiplas entre as Fazendas CH e SF e/ou LA e SF.

^{f/} DEPs da Fazenda LA obtidas por meio de análises de características múltiplas entre as Fazendas LA e CH e/ou LA e SF.

Dentro dos 30% melhores reprodutores da característica peso à desmama, o conjunto CH-SF e a Fazenda CH tiveram em comum 93,44% de seus reprodutores. Em relação à Fazenda SF, a porcentagem de animais em comum com o conjunto CH-SF foi de 96,72%. A Fazenda LA apresentou 89% de seus indivíduos em comum com os animais do par LA-CH,

enquanto para a Fazenda CH, a porcentagem de animais comuns com este mesmo par de Fazendas foi de 86%. Para o conjunto LA-SF, a porcentagem de reprodutores em comum com a Fazenda LA foi de 95,93%, enquanto com a Fazenda SF esta porcentagem foi de 91,06%. Em outras palavras, dentro dos 30% melhores animais classificados, oito indivíduos da Fazenda CH e quatro da Fazenda SF não apareceram entre os classificados do par CH-SF. Em comparação ao par LA-CH, o número de animais não comuns entre as classificações foi de 11 animais para a Fazenda LA e 14 animais para a Fazenda CH. Na classificação dentro do par LA-SF, não estavam presentes 12 reprodutores de LA e cinco reprodutores da Fazenda SF.

No que se refere à característica peso ao sobreano, o par de Fazendas CH-SF apresentaram em comum 96,77% de seus animais com a Fazenda CH. Ainda em relação a este mesmo par, a porcentagem de reprodutores em comum com a Fazenda SF foi de 97,58%. A Fazenda LA apresentou 94,90% de seus indivíduos em comum com os animais do par LA-CH, enquanto para a Fazenda CH, a porcentagem de animais comuns com este mesmo par de Fazendas foi de 96,94%. A Fazenda LA e a Fazenda SF apresentaram as porcentagens de 94,92% e 86,44% de reprodutores em comum ao conjunto LA-SF. Considerando a classificação dos 30% melhores animais, quatro reprodutores pertencentes à Fazenda CH e três da Fazenda SF não estiveram entre os 30% classificados do conjunto de Fazendas CH-SF. No caso do par de Fazendas LA-CH, o número de animais não comuns entre as classificações foi de cinco indivíduos da Fazenda LA e três da Fazenda CH. Dentre os classificados do par LA-SF, não estavam presentes 16 reprodutores de LA e seis reprodutores da Fazenda SF.

Assim como no peso à desmama e peso ao sobreano, a característica ganho de peso da desmama ao sobreano apresentou porcentagens variando entre 86 e 98% de reprodutores em comum. A Fazenda CH e a Fazenda SF tiveram em comum 95,24% e 96,03% de seus reprodutores em comum com o conjunto CH-SF, respectivamente. O par de Fazendas LA-CH apresentou 92,86% de seus indivíduos em comum com LA e 91,84% com CH. As Fazendas LA e SF mostraram em comum 89,08% e 93,28% de seus touros com o conjunto LA-SF, respectivamente. No que se refere ao número de indivíduos não comuns dentro das classificações dos pares de Fazendas e das Fazendas específicas, dentre os classificados do par CH-SF não se encontravam seis reprodutores de CH e cinco de SF. No que diz respeito ao conjunto LA-CH, sete animais da Fazenda LA e oito da Fazenda CH não se mostraram comuns a este. Para o conjunto de Fazendas LA-SF, o número de touros não comuns foram de 13 em relação à Fazenda LA e oito em relação à SF.

Embora a significância da diferença entre os graus de dispersão não tenha sido estatisticamente testada, a dupla de Fazendas CH e SF pareceu apresentar menores dispersões das DEPs de seus reprodutores para as três características estudadas, como pode ser visto nas Figuras 1 e 2 (característica peso à desmama), 3 e 4 (característica peso ao sobreano) e Figuras 5 e 6 (característica ganho de peso da desmama ao sobreano).

Várias justificativas poderiam ser atribuídas a este comportamento. Uma delas seria o maior número de touros incluídos nas análises de tais Fazendas em relação às outras duplas, o que reduz a variabilidade das DEPs e torna os dados menos discrepantes. Esta proximidade pode ser verificada através dos valores definidos pelos pontos de truncamento. Para a característica peso à desmama, estes valores compreenderam 4,64 kg para o par CH-SF, 4,00 kg para a Fazenda CH e 4,76 kg para SF, cuja variação foi de -2,5% (entre CH-SF e SF) a 13,8% (entre CH-SF e CH).

Para a característica peso ao sobreano, a uniformidade se manteve. Os pontos de truncamento da dupla de Fazendas CH e SF foram definidos por valores de 9,60 kg para o par CH-SF, 8,90 kg para CH (diferença de -7,29% em relação a CH-SF) e 9,70 kg para a Fazenda SF (diferença de 1,04% em relação a CH-SF). Na característica ganho de peso da desmama ao sobreano, a disparidade entre os valores que definiram os pontos de truncamento se apresentaram maiores em relação ao peso à desmama e peso ao sobreano. Os valores, com suas respectivas porcentagens de diferença entre os mesmos foram de 3,57 kg para o par CH-SF, 3,0 kg para a Fazenda CH (15,96% a menos que dupla CH-SF) e de 3,56 kg para a Fazenda SF (0,28% a mais em comparação ao par CH-SF).

A quantidade de touros coincidentes entre o par de Fazendas CH-SF e a Fazenda SF foi maior para as três características estudadas, comparativamente à Fazenda CH. Uma possível explicação seria o número de informações da base de dados a partir das quais foram calculadas os valores das DEPs. As DEPs dos touros da Fazenda SF foram calculadas com base em 26.000 informações de desempenho ponderal, contra 10.000 informações da Fazenda CH, aproximadamente. A elevada quantidade de informações utilizadas nas análises de SF para obtenção das DEPs de seus reprodutores teve por propriedade reduzir a variabilidade das mesmas, aproximando-as das informações do conjunto CH-SF.

As dispersões das DEPs que envolveram as Fazendas LA e SF podem ser observadas nas Figuras 7 e 8 (para a característica peso à desmama), 9 e 10 (para a característica peso ao sobreano) e nas Figuras 11 e 12 (para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano).

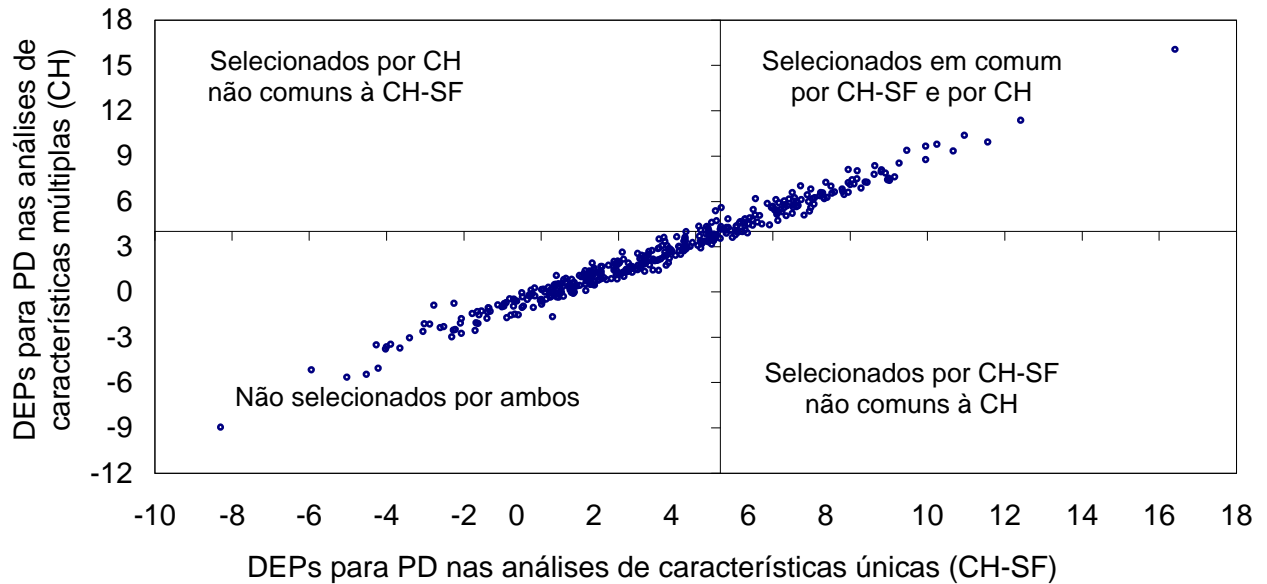


Figura 1 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (4,64 kg) e multi-características para a Fazenda CH (4,00 kg).

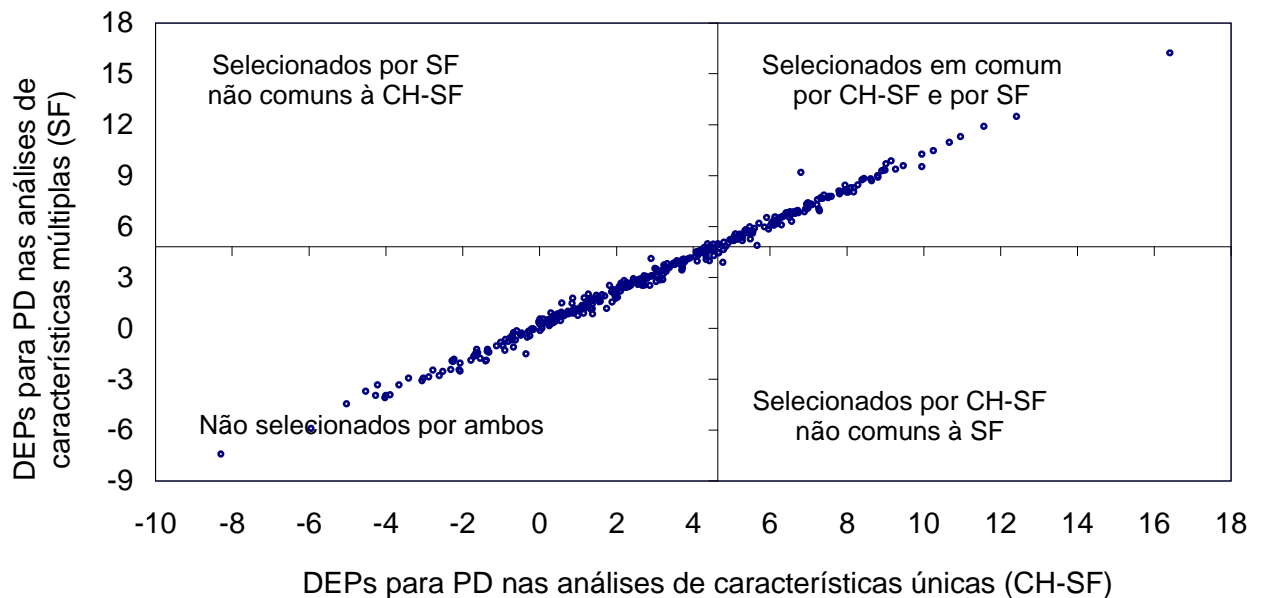


Figura 2 - Dispersões diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (4,64 kg) e multi-características para a Fazenda SF (4,76 kg)

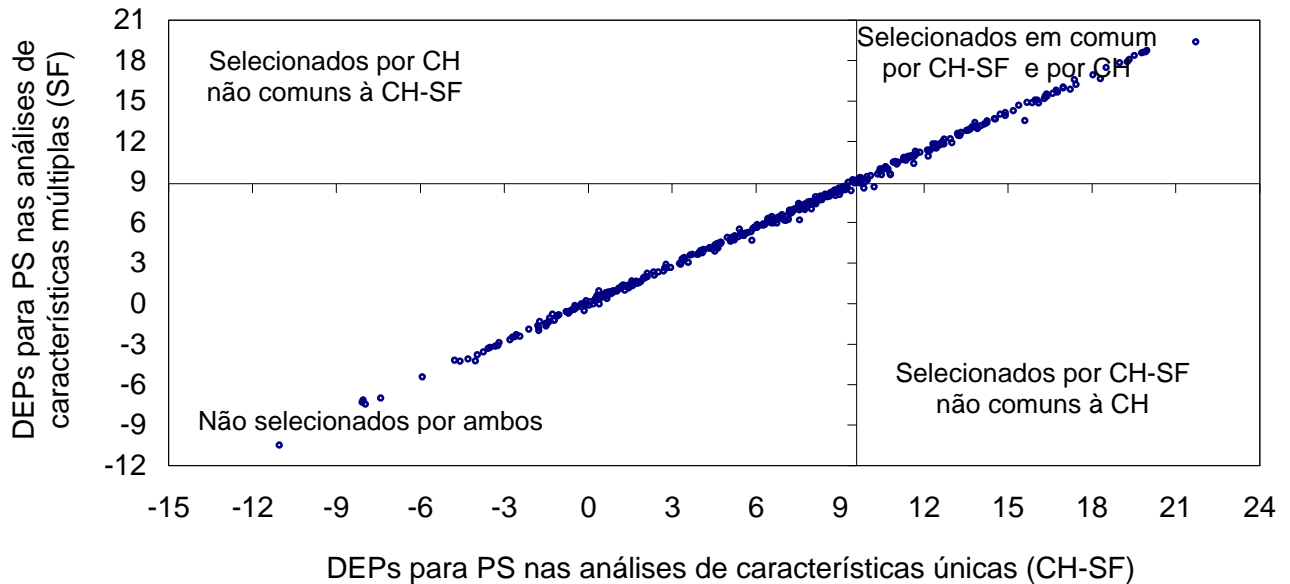


Figura 3 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (9,60 kg) e multi-características para a Fazenda CH (8,90 kg).

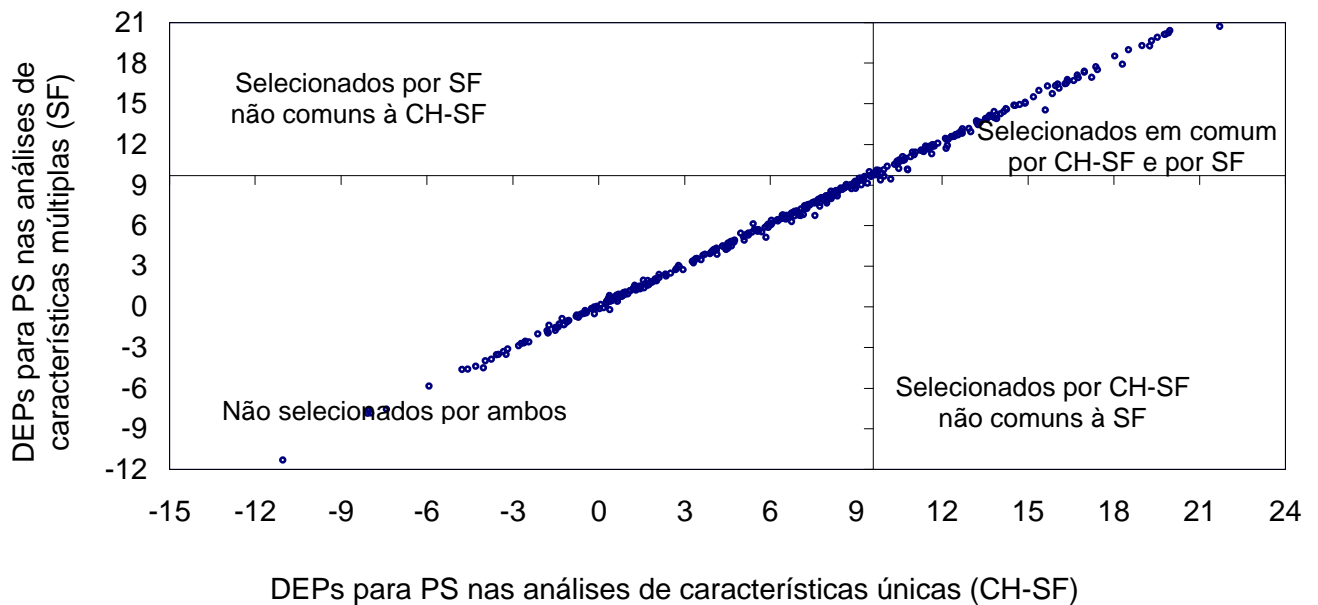


Figura 4 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (9,60 kg) e multi-características para a Fazenda SF (9,70 kg)

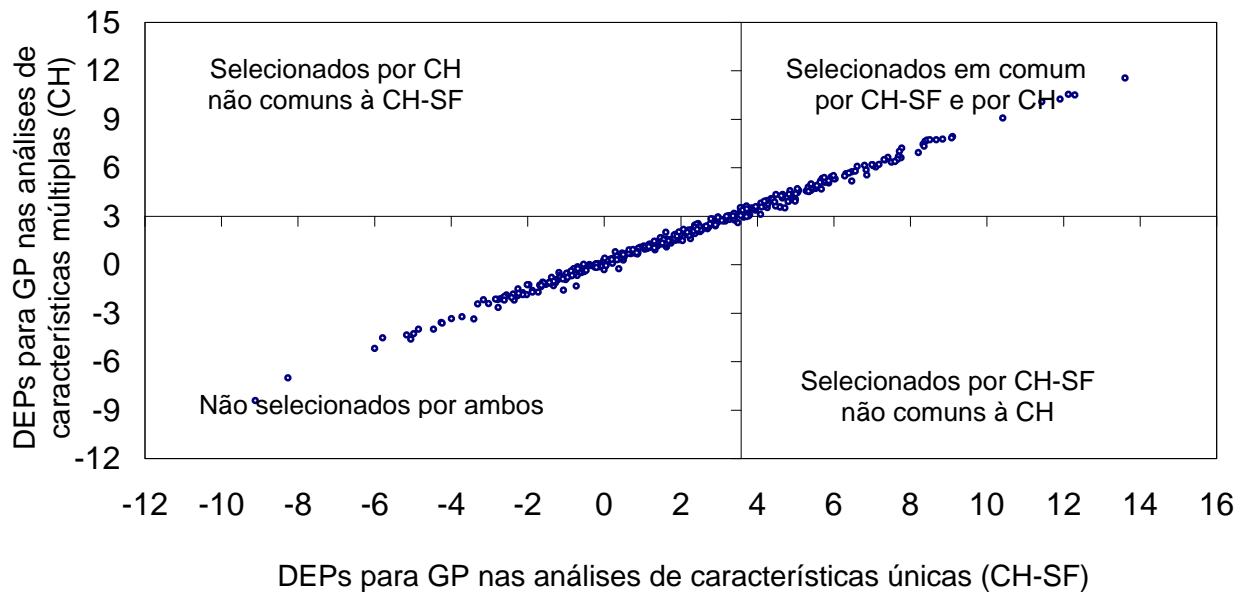


Figura 5 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (3,57 kg) e multi-características para a Fazenda CH (3,0 kg).

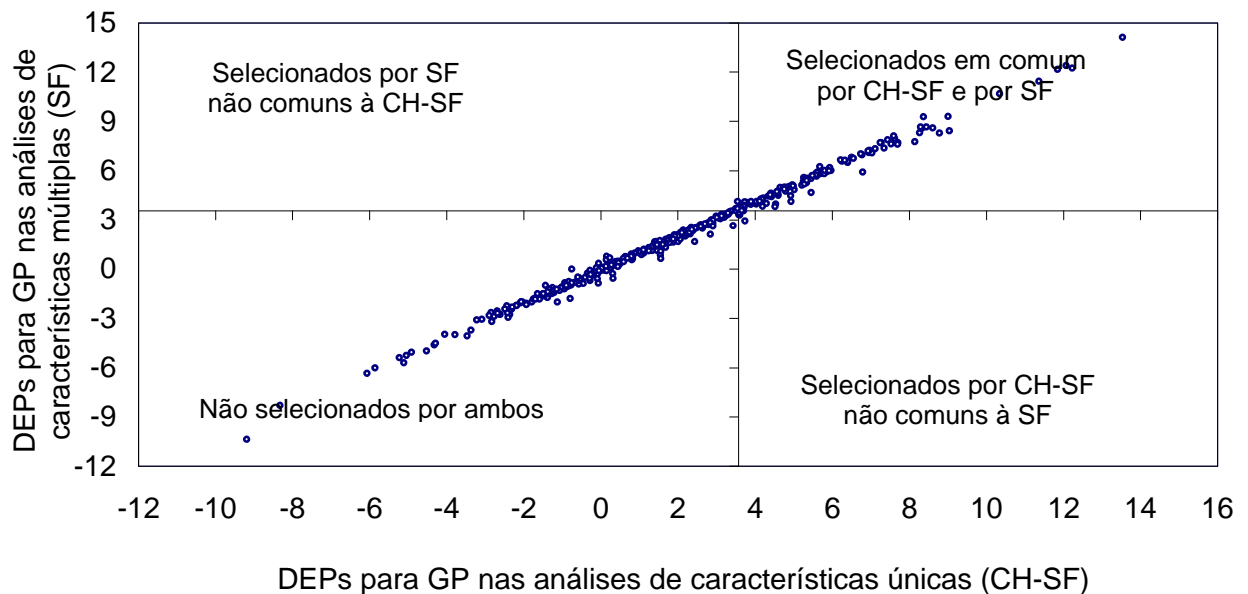


Figura 6 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas CH-SF (3,57 kg) e multi-características para a Fazenda SF (3,56 kg).

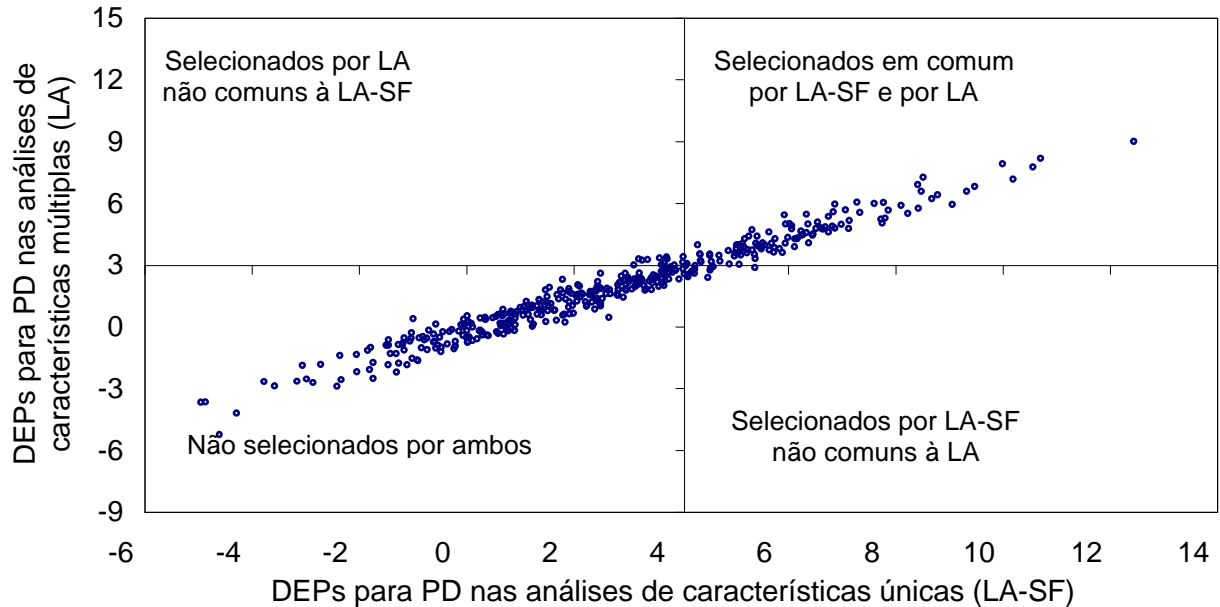


Figura 7 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (4,06 kg) e multi-características para a Fazenda LA (2,97 kg).

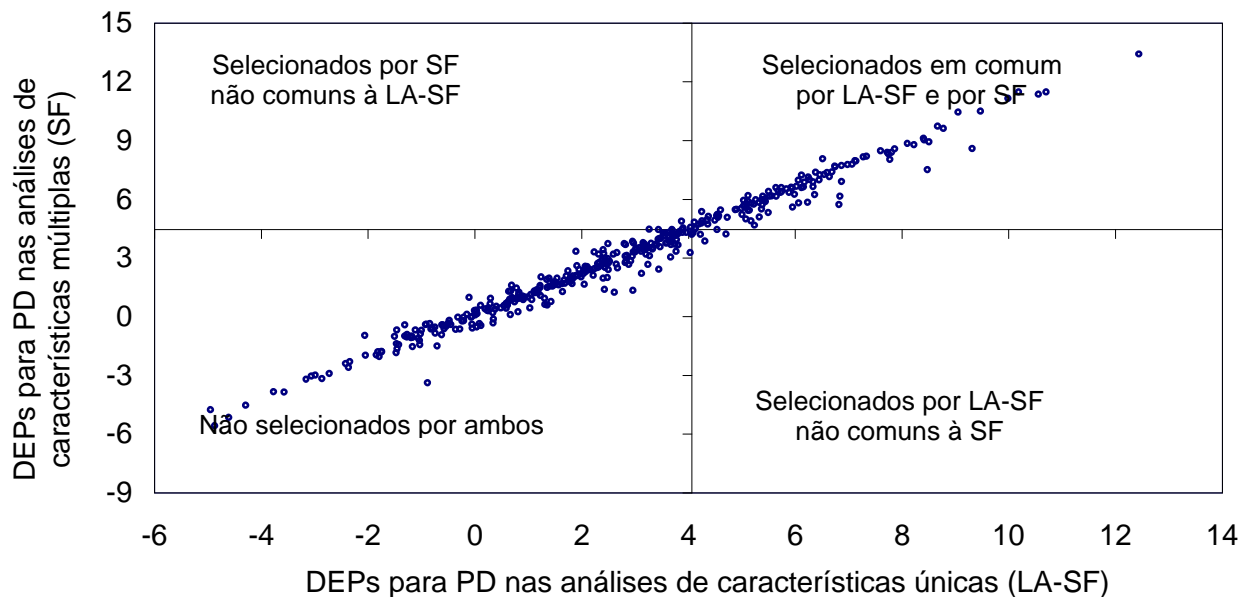


Figura 8 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (4,06 kg) e multi-características para a Fazenda SF (4,45 kg)

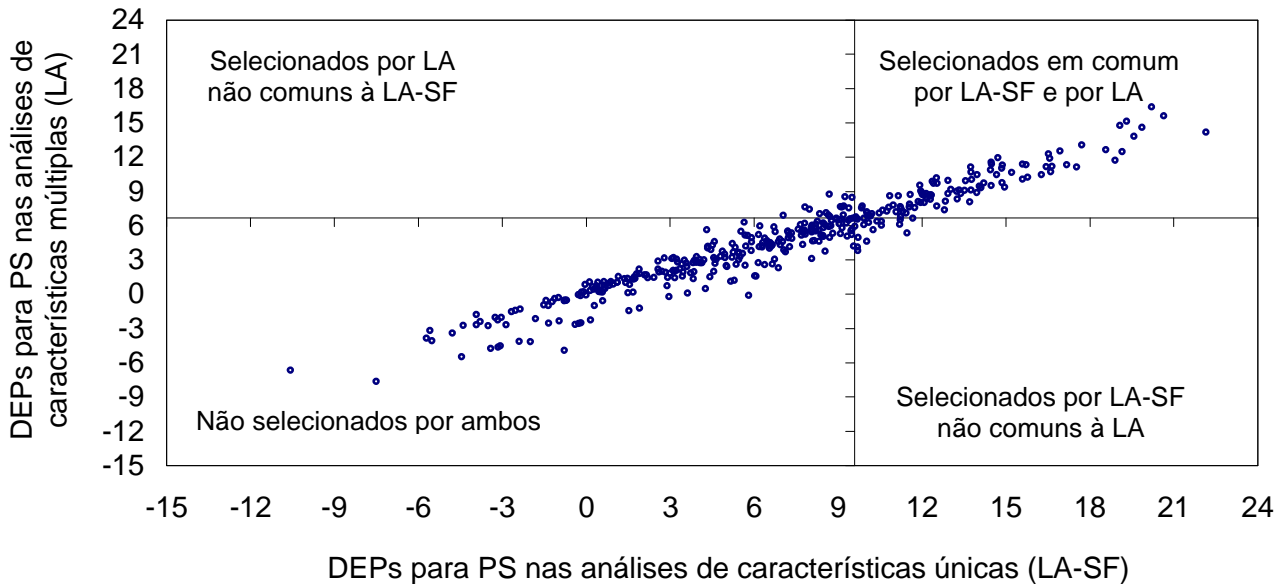


Figura 9 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (9,70 kg) e multi-características para a Fazenda LA (6,70 kg).

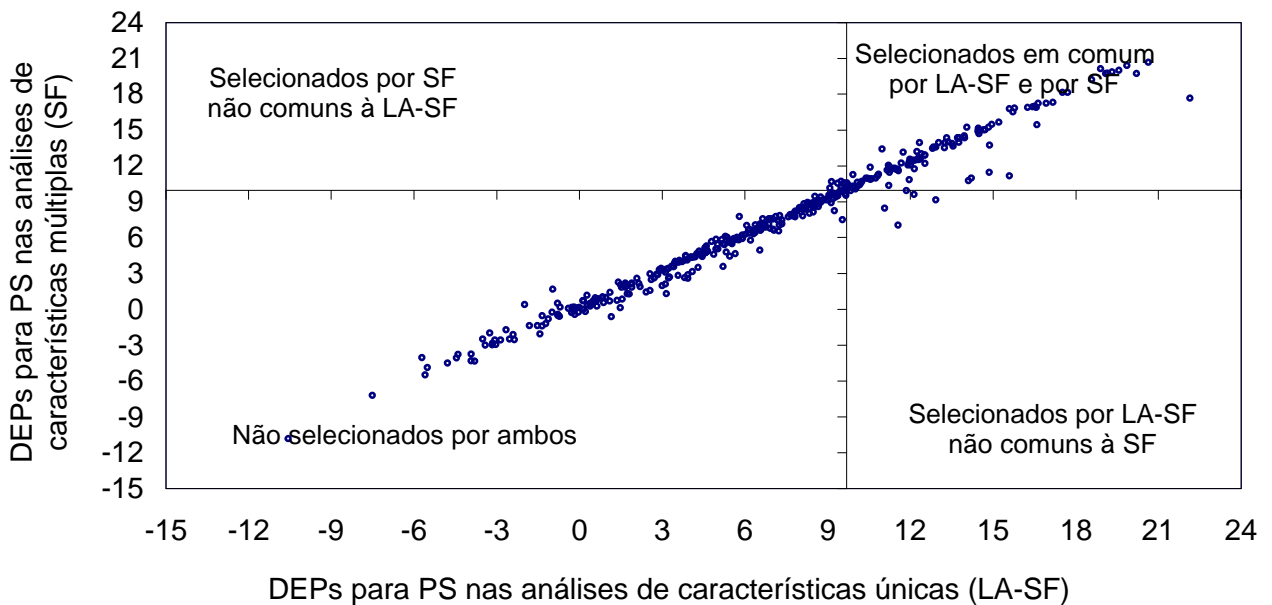


Figura 10 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (9,70 kg) e multi-características para a Fazenda SF (10,0 kg)

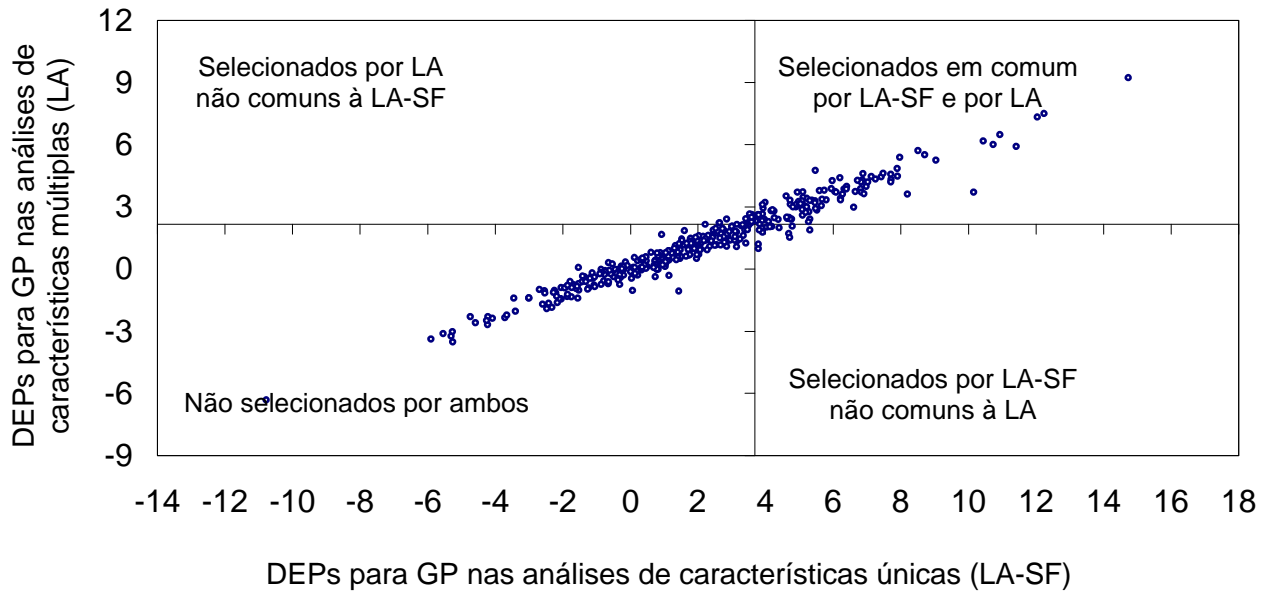


Figura 11 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (3,68 kg) e multi-características para a Fazenda LA (2,15 kg).

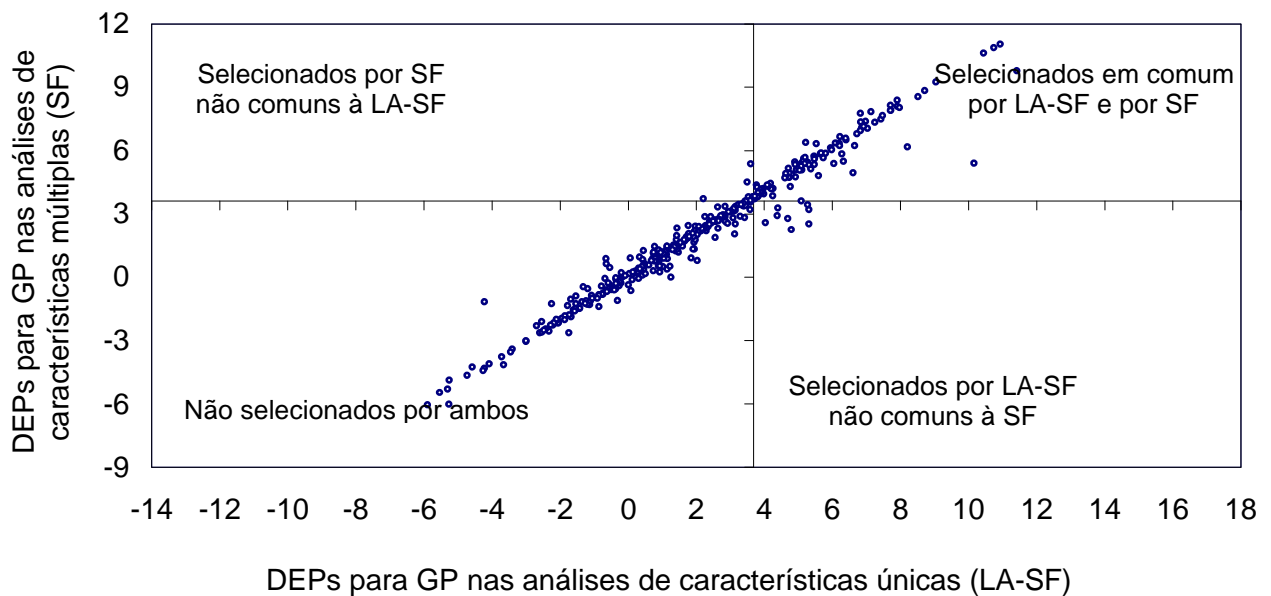


Figura 12 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-SF (3,68 kg) e multi-características para a Fazenda SF (3,61 kg).

Nas três características estudadas, os valores das DEPs representados nos gráficos se apresentaram mais dispersos em relação à dupla de Fazendas CH-SF. A esta diferença pode se dar como causa o número de informações dos conjuntos de dados iniciais. A Fazenda SF contou com cerca de 26.000 informações, enquanto a Fazenda LA continha apenas cerca de 5.000 informações para o cálculo da DEPs. Esta condição conferiu maior discrepância entre os valores das DEPs da Fazenda LA em relação à dupla LA-SF, mostrando pontos mais dispersos. Por outro lado, a menor variabilidade das DEPs dos indivíduos da Fazenda SF aproximou as informações desta Fazenda junto ao par LA-SF, o que é representado pela maior porcentagem de touros em comum.

Estas observações podem ser ilustradas com base nos valores determinantes dos pontos de truncamento. Para a característica peso à desmama, os valores foram de 4,06 kg para a dupla LA-SF, 2,97 kg para a Fazenda LA e 4,45 para a Fazenda SF. Nota-se que a diferença entre os valores de truncamento da dupla LA-SF em relação a LA (26,8%) é maior do que a diferença entre os valores do par LA-SF e a Fazenda SF (-8,76%). As proporções de desigualdade entre as DEPs definidas pelos ponto de truncamento teve por conseqüência a menor porcentagem de touros em comum da Fazenda LA com o par LA-SF em comparação à Fazenda SF.

Na característica peso ao sobreano (PS) os valores das DEPs determinantes dos pontos de truncamento foram de 9,70 kg para a dupla LA-SF, 6,70 kg para a Fazenda LA e 10,0 kg para SF. As diferenças entre os valores acima citados foram de 3% entre a Fazenda LA e a dupla LA-SF e de 30% entre a mesma dupla e a Fazenda SF, expressando a proximidade dos valores das DEPs da Fazenda SF com o conjunto LA-SF, com conseqüente aumento do número de reprodutores em comum entre estes.

Para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, os valores definidos pelos pontos de truncamento foram de 3,68 kg, 2,15 kg e 3,61 kg para o par LA-SF, a Fazenda LA e a Fazenda SF, respectivamente. Para o par LA-SF e a Fazenda LA, a diferença entre os valores definidos no truncamento foi de -41,5%, enquanto entre o mesmo par e a Fazenda SF foi de -1,9%. Esta constatação reflete a maior quantidade de touros em comum selecionados por LA-SF e a Fazenda SF. No que diz respeito às análises que envolvem as Fazendas LA e CH, as dispersões das DEPs dos touros estão expressas nas Figuras 13 e 14 (peso à desmama), 15 e 16 (peso ao sobreano) e nas Figuras 17 e 18 (ganho de peso da desmama ao sobreano).

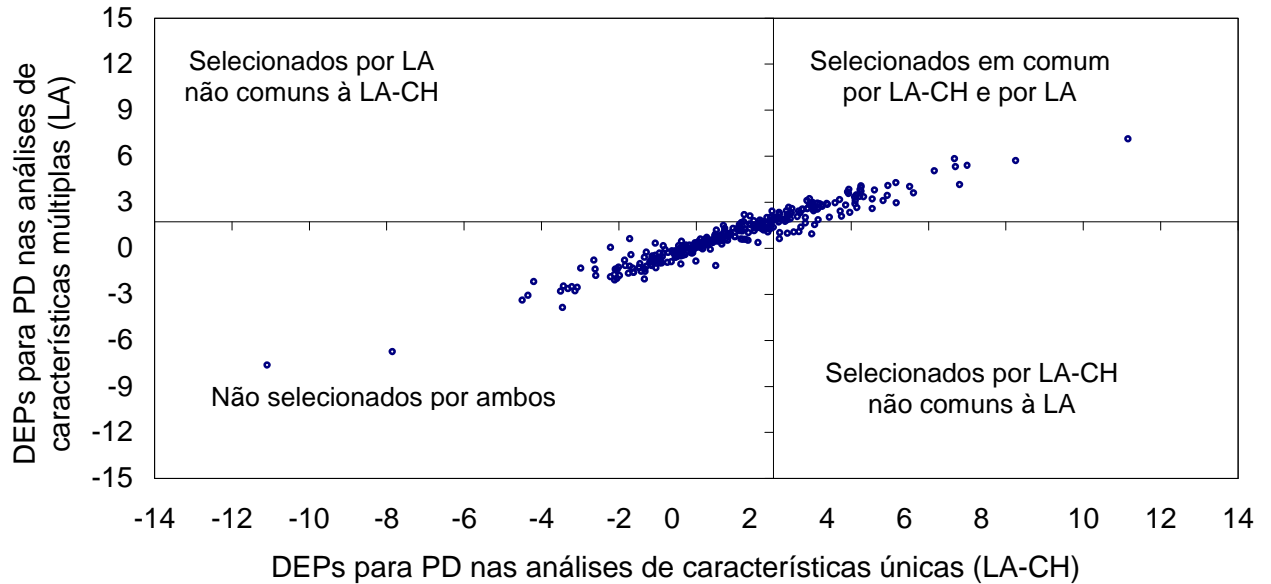


Figura 13 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,98 kg) e multi-características para a Fazenda LA (1,74 kg).

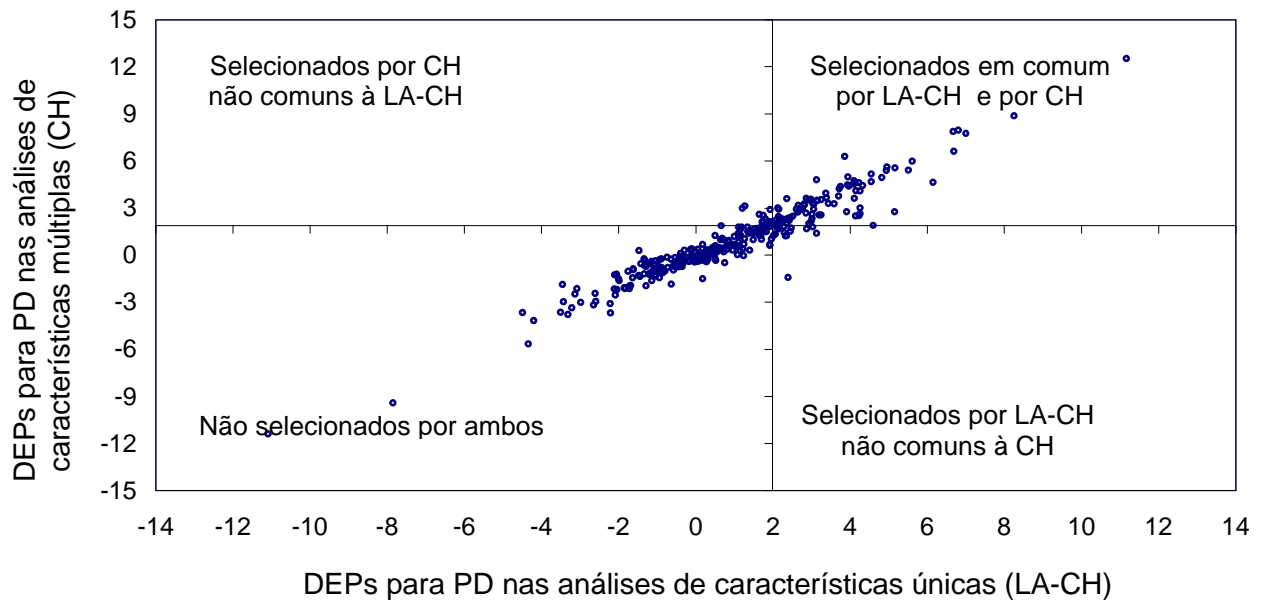


Figura 14 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso à desmama (PD), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,98 kg) e multi-características para a Fazenda CH (1,86 kg)

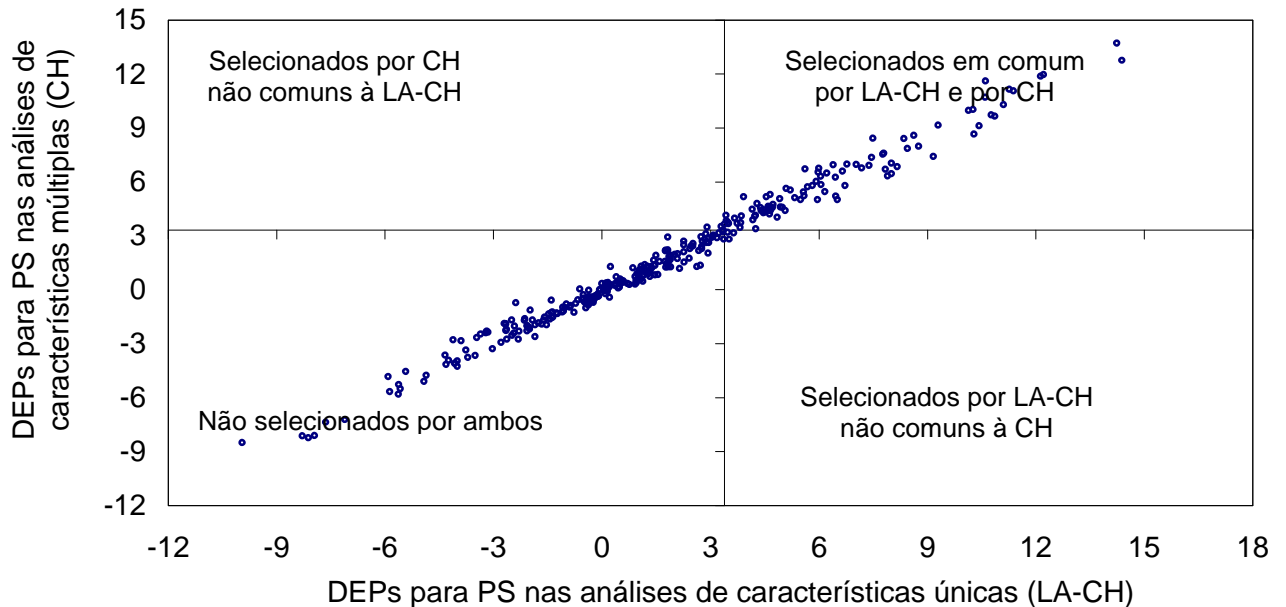


Figura 15 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (3,40 kg) e multi-características para a Fazenda CH (3,33 kg).

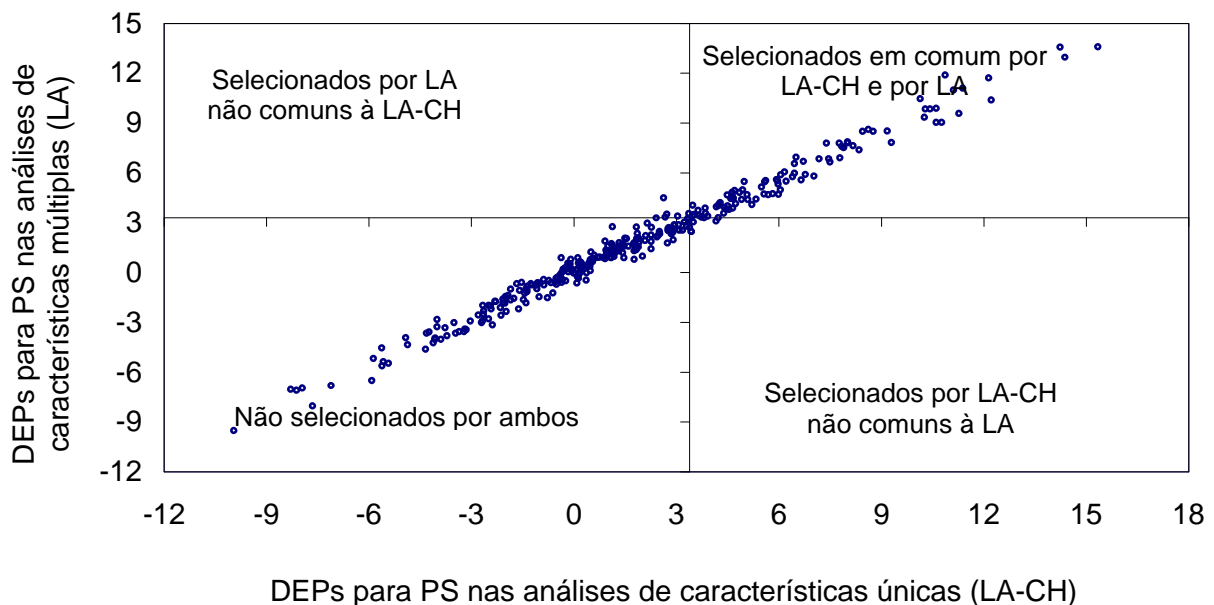


Figura 16 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para peso ao sobreano (PS), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores reprodutores para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (3,40 kg) e multi-características para a Fazenda LA (3,31 kg)

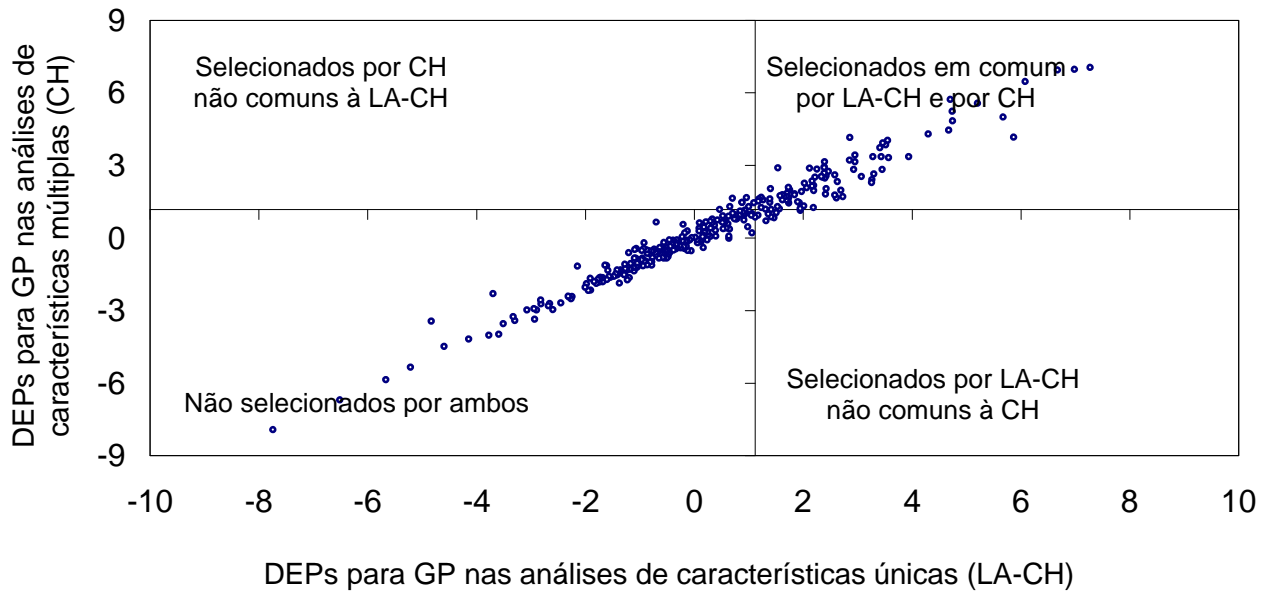


Figura 17 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,12 kg) e multi-características para a Fazenda CH (1,18 kg).

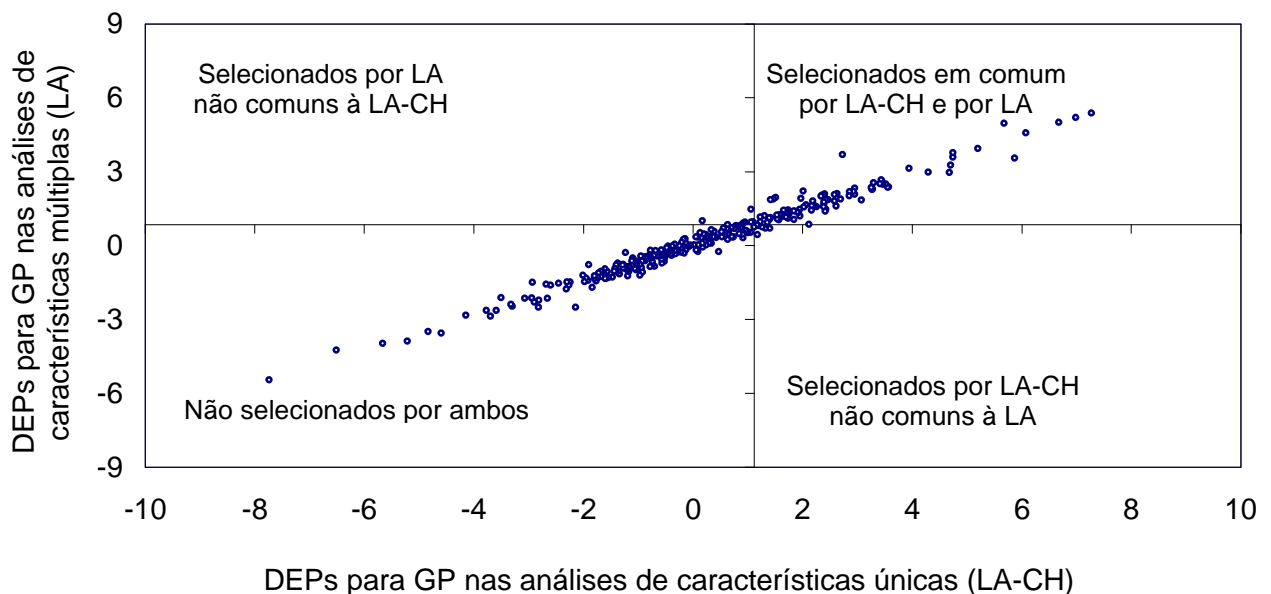


Figura 18 - Dispersões das diferenças esperadas na progênie (DEPs) para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP), em quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 30% melhores touros para as análises uni-características do conjunto de Fazendas LA-CH (1,12 kg) e multi-características para a Fazenda LA (0,86 kg).

Para a característica peso à desmama, os valores determinantes dos pontos de truncamento foram de 1,98 kg para a dupla LA-CH, 1,74 kg para a Fazenda LA (-12% em relação à anterior) e de 1,86 kg para a Fazenda CH (6% a mais em relação à LA-CH). Apesar da diferença entre estes valores, a Fazenda LA foi detentora da maior quantidade de indivíduos coincidentes com o par LA-CH. As Fazendas LA e CH são as que tiveram o menor número de touros com DEPs analisadas, o que pode ter conferido maior variabilidade dos dados. Tal variabilidade pode ser observada no aspecto da dispersão das DEPs nestas fazendas, representadas nas Figuras 13 e 14.

Para a característica peso ao sobreano, o aspecto das DEPs das Fazendas LA, CH e da dupla LA-CH (Figuras 15 e 16) foi mais uniforme em comparação à dispersão destes mesmos ambientes para peso à desmama. Esta uniformidade pode ser verificada pela proximidade dos valores definidos pelos pontos de truncamento. Estes foram de 3,40 kg para a dupla LA-CH, 3,33 kg para a Fazenda CH (2,05% a menos que a anterior) e 3,31 kg para a Fazenda LA (2,64% a menos em relação à LA-CH).

No ganho de peso da desmama ao sobreano, a diferença entre os valores que definiram o quadrante dos animais selecionados em comum pela dupla LA-CH (1,12 kg) e pela Fazenda LA (0,86 kg) foi de -2,05%. Esta porcentagem foi de 5,35% de diferença entre os valores definidos pelo truncamento de LA-CH e a Fazenda CH (1,18 kg).

Apesar das diferenças entre o número de animais coincidentes nas duplas de fazendas e fazendas individuais, estas não foram suficientes para afirmar que existe maciça alteração da classificação dos touros entre as mesmas. Ainda que presentes, os indivíduos que tiveram suas ordenações alteradas encontravam-se localizados dentre os últimos na classificação definida pelo ponto de truncamento, o que não afetaria substancialmente a seleção dos melhores touros.

5. CONCLUSÃO

As estimativas de correlações genéticas para as características peso à desmama e peso ao sobreano foram próximas à unidade, o que leva a sugerir que a existência de interação genótipo x ambiente seja do tipo simples, ou seja, diferenças de variabilidades entre os efeitos residuais nos ambientes.

Entretanto, para a característica ganho de peso da desmama ao sobreano, as correlações genéticas ligeiramente mais baixas levaram à sugestão da hipótese de que o problema ganharia maiores dimensões, apontando para a interação genótipo x ambiente do tipo complexa. Esta seria representada pela inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental. A expectativa de resposta variável dos indivíduos nos diferentes rebanhos avaliados foi esclarecida pelo exame detalhado da classificação dos reprodutores, o qual evidenciou classificações similares entre os touros nas três Fazendas avaliadas.

Estes resultados fornecem bases para sugerir que, nas três fazendas estudadas, os grupos de genes que controlam o peso à desmama, o peso ao sobreano e o ganho de peso da desmama ao sobreano em uma região coincidem em sua totalidade com aqueles que os controlam em outra região. Para este caso em especial, pode-se afirmar que se a diferença entre os ambientes em que os animais foram avaliados for desconsiderada, o efeito sobre o progresso genético mediante seleção será de pequena ou nenhuma magnitude.

No entanto, as dificuldades na interpretação dos resultados ocasionadas pelas diferenças de variabilidade nas fazendas chamam a atenção para que mais estudos desta natureza sejam realizados, no intuito de adequar os programas de avaliação genética por meio de informações de caráter mais específico, como a inclusão do efeito da interação genótipo x ambiente no modelo das análises.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BALIEIRO, J.C.C. **Heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore**. 2001. 88f. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.

BALIEIRO, J.C.C.; LOPES, P.S.; ELER, J.P. et al. Efeito da heterogeneidade da variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: II. Análises de bi-características para ganho de peso da desmama ao sobreano. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. CD-ROM (Bovinos de Corte).

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of program to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1995.

BOLZE, R.P. Matching beef cattle genotype to environment: Part I. **Veterinary Medicine**, v.93, n.2, p.180-189, 1998.

BROTHERSTONE, S., HILL, W.G. Heterogeneity of variance amongst herds for milk production. **Animal Production**, v.42, n.3, p.297-303. 1986.

CAMPELO, J.E.G.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; SILVA, L.O.C.; EUCLYDES, R.F.; ARAÚJO, C.V.; PEREIRA, C.S. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, n.6, p.685-693. 2003.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S.; ALBUQUERQUE, L.A. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, suppl.0, p.1680-1688. 2002.

CRUZ, C.D. et al. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1997.

DARNELL, R.E.; HEARNshaw, H.; BARLOW, R. Growth and carcass characteristics of crossbred and straightbred Hereford steers. III. Post-weaning growth in seven environments in New South Wales. **Australian Journal Agricultural Research**, v.38, n.5, p.941-955. 1987.

DICKERSON, G.E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, v.4, p.47-63. 1962.

DODENHOFF, J.; VAN VLECK, L.D.; WILSON, D.E. Comparison of Models to Estimate Genetic Effects for Weaning Weight of Angus Cattle. **Journal Animal Science**, v.77, p.3176–3184. 1999.

DONOGHUE, K.A.; BERTRAND, J.K. Investigation of genotype by country interactions for growth traits for Charolais populations in Australia, Canada, New Zealand and USA. **Livestock Production Science**, v.85, p.129–137. 2004.

ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S.; LÔBO, R.B. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253–3258. 1995.

ELER, J.P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 1999.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L.; PEREIRA, E. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648. 2000.

ESPASANDIN, A.C.; ALENCAR, M.M.; URIOSTE, J.I. 2005. Algumas implicações da interação genótipo x país nos resultados das avaliações genéticas da raça Angus do Brasil e do Uruguai. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD-ROM (Melhoramento).

EUCLIDES FILHO, K. **Effects of genotype by environment interactions on beef cattle performance at two locations**. 1984. 96f. Tese (Doutorado). University of Florida, 1984.

FALCONER, D.S. 1952. The problem of environment and selection. **Am. Nat.**, v.86, n.830, p.293-298.

FERREIRA, V.C.P.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G.; TORRES, R.A. Interação genótipo-ambiente em algumas características produtivas de gado de corte no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, n.3, p.385-392. 2001.

FIKSE, W.F.; REKAYA, R.; WEIGEL, K.A. Assessment of environmental descriptors for studying genotype by environment interaction. **Livestock Production Science**, v.82, n. 2-3, p.223-231. 2003.

GALLANT, A.R.; W.A. FULLER. 1973. Fitting Segmented Polynomial Regression Models whose join points have to be estimated. **Journal of Animal Statistical Association**, n.68, p.140-147.

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. **Biological Reviews.**, v.22, n.2, p.195-213. 1947.

HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: W. D. HANDSON AND PLANT BREEDING. Pub. 982. National Academy of Sciences-National Research Council. Washington, DC, p.141-163. 1963.

HENDERSON, C.R. 1984. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph: Guelph, Canada. 1984.

LEE, C.; POLLAK, E. J. Relationship between sire x year interactions and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. **Journal Animal Science**, v. 75, p.68–75. 1997.

LEE, D.H.; BERTRAND, J.K. Investigation of genotype x country interactions for growth traits in beef cattle. **Journal Animal Science**, v.80, n.2, p.330-337. 2002.

LUSH, J.L. **Animal Breeding Plans**. Iowa State College Press: Ames. 1945.

MATTOS, D.; BERTRAND, J.K.; MISZTAL, I. Investigate of genotype x environment interactions for weaning weight for Herefords in three countries. **Journal of Animal Science**, v.78, p.2121–2126. 2000.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179–204. 1992.

MOURÃO, G. B.; MATTOS, E.C.; BALIEIRO, J.C.C.; FIGUEIREDO, L.G.G.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Uso de polinômio segmentado para ajuste do peso à desmama da raça Nelore e seu efeito sobre as estimativas de parâmetros genéticos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. CD-ROM (Melhoramento).

MRODE, R.A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. CAB INTERNATIONAL: Wallingford, Oxon, UK, 1996.

NEPHAWE, K.A.; NESER, F.W.C.; ROUX, C.Z.; THERON, H.E.; WESTHUIZEN, J. VAN DER, ERASMUS, G.J. Sire x ecological region interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal Animal Science**, v.29, n.3, p.189-201. 1999.

NESER, F.W.C.; ERASMUS, G.J.; WYK, J.B. Quantifying herd-year-season x sire interaction in Bonsmara cattle. **South African Journal Animal Science**, v. 28, n. 3-4, p.167-172. 1998.

NOTTER, D.R.; TIER, B.; MEYER, K. Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 70, n. 8, p. 2359-2365. 1992.

NUÑEZ-DOMINGUEZ, R.; VAN VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Prediction of genetic values of sires for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal model with heterogeneous variances. **Journal Animal Science**, v.73, p.2940-2950. 1995.

NUNN, T.R.; KRESS, D.D.; BURFENING, P.J.; VANIMAN, D. Region by sire interaction for reproduction traits in beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 46, n. 4, p.957-964. 1978.

REIS, J.C.; LOBO, R.B. **Interações genótipo-ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto: ed. F.C.A. (FEI). 1991

ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic Parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-11. 1996.

RORATO, P.R.N.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; KIPPERT, C.J.; LOPES, J.S.; SOUZA, P.R.S. Efeito da interação genótipo-ambiente para peso a desmama, ajustado para 205 dias, em bovinos da raça Nelore criados nos três estados do Sul do Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. CD-ROM (Melhoramento).

SAS. USER'S GUIDE: **basic and statistic**. Cary: SAS. 1995.

SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.G. Animal x testing environment interaction on postweaning liveweight gains of young bulls. **Australian Journal Agricultural Research**, v.49, n.4, p.607-612. 1998.

SEARLE, S.R. **Matrix algebra for biological science**. New York: John Wiley and Sons, 1996.296p.

SIMONELLI, S.M.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S.; GASPARINO, E.; SILVA, L.O.C.; PEROTTO, D. Interação genótipo x ambiente para pesos à desmama, ano e sobreano na raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. CD-ROM (Bovinos de Corte).

SOUZA, J.C.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FILHO, K.; ALENCAR, M.M.; WECHSLER, F.S.; GADINI, C.H.; VAN VLECK, L.D. Effect of genotype x environment interaction on weaning weight of nellore calves raised in four different regions of Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6th, Armidale, Austrália. 11-16 January 1998. CD-ROM.

TESS, M.W.; JESKE, K.E.; DILLARD, E.U.; ROBISON, O.W. Sire x environment interactions for growth traits of Hereford cattle. **Journal Animal Science**, v.59, n.6, p.1467-1476. 1984.

THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, v.35, n.3, p.339-353. 1979.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N.; GONDO, A.; SIMONELLI, S.M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455. 2004.

TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO, C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059. 2000.

VAN VLECK, L.D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. **Journal of Dairy Science**, v.70, p.337-344, 1987.