**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP**

**CÂMPUS DE JABOTICABAL**

# ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE EM BÚFALOS LEITEIROS DO BRASIL E DA COLÔMBIA

**Naudin Alejandro Hurtado Lugo**

**Zootecnista**

**2014**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP**

**CÂMPUS DE JABOTICABAL**

# ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE EM BÚFALOS LEITEIROS DO BRASIL E DA COLÔMBIA

**Naudin Alejandro Hurtado Lugo**

**Orientador: Prof. Dr. Humberto Tonhati**

**Co-Orientadores:Dr. Raul Aspilcueta**
**Dra. El Faro Lenira**

**Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Zootecnia**

**2014**

Hurtado Lugo, Naudin Alejandro
H967e Estudo da interação genótipo ambiente em búfalos leiteiros do Brasil e da Colômbia / Naudin Hurtado Lugo. – – Jaboticabal, 2014
xix, 67 p. : il. ; 28cm

Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014
Orientador: Humberto Tonhati
Banca examinadora: Henrique Nunes, Josineudson Vasconcelos, Franciso Araujo Neto, Leonardo Seno
Bibliografia

1. América do Sul. 2. Produção de leite. 3. Descritor ambiental. 4. Gado leiteiro. 5. Polinômio Ortogonal de Legendre. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.293.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

unesp **UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**

**CAMPUS DE JABOTICABAL**

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL**

## CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO:** ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE EM BÚFALOS LEITEIROS DO BRASIL E DA COLÔMBIA

**AUTOR: NAUDIN ALEJANDRO HURTADO LUGO**

**ORIENTADOR: Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI**
**CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. RÚSBEL RAÚL ASPILCUETA BORQUIS**
**CO-ORIENTADORA: Profa. Dra. LENIRA EL FARO ZADRA**

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA , pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. HUMBERTO TONHATI
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. JOSINEUDSON AUGUSTO II DE VASCONCELOS SILVA
Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal / Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia de Botucatu

Prof. Dr. FRANCISCO RIBEIRO DE ARAUJO NETO
Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano / Rio Verde/GO

Prof. Dr. LEONARDO DE OLIVEIRA SENO
Faculdade de Ciências Agrárias / Universidade Federal da Grande Dourados / Dourados/MS

Data da realização: 21 de julho de 2014.

## DADOS CURRICULARES DO AUTOR

NAUDIN ALEJANDRO HURTADO LUGO. Filho de Rosa Lugo Salgado e Naudin Hurtado Ardila. Nascido na cidade de Medellín (Ant, Colômbia) 06/1978.
Em 07/2004 recebeu o reconhecimento "Exaltação de Méritos por serviço à comunidade"pela Universidade de Antioquia (U.de.A). Recebeu o titulo com honra em Zootecnia no 10/2005, concedido pela Faculdade de Ciências Agrárias da U.de.A. No 10/2006 recebeu o prêmio Nacional "Otto de Greiff"aos melhores trabalhos de graduação. Posteriormente, recebeu os títulos de Mestre em Genética e Melhoramento Animal (07/2009) e Doutor em Zootecnia (08/2014) na Área de concentração em Genética e Melhoramento Animal, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal (SP, Brasil) sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati. Durante o período de doutorado realizou estágio de Doutorado “Sandwich” por 1 mes na Universidad de Zaragoza (Zaragoza, Espanha), sob supervisão do Prof. Dr. Luis Varona Aguado. Sendo bolsista da Agencia Española de Cooperación Internacional (INIA, Espanha) em 10/2007 e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, Brasil) entre os períodos: 07/2007 - 07/2009, 08/2010 - 08/2013 e 09/2013 - 08/2014.

*"...Um Homem de conhecimento*
*é alguem que há seguido de*
*verdade os sofrimentos de aprender.*
*Um homem que sem preça,*
*sem duvidar tem ido lho mas longe que pode*
*em desenrolar os segredos do poder e o conhecimento.*
*Quando um homem começa a aprender,*
*ele nunca sabe o que vai a encontrar.*
*Seu propósito é fumo;*
*sua intenção, vaga.*
*Espera recompensas que*
*nunca se materializarão,*
*pois não conhece nada*
*das dificuldades que custa a aprendizagem.*

*"Embora a gente aprende assim,*
*pouquihno a pouquinho ao princípio*
*e depois mais e mais".*
*E logo seus pensamentos entram em choque*
*e afumdam-se na nada.*
*O que se aprende nunca é o que a gente imaginava.*
*E assim se começa a ter medo...*
*O conhecimento nao é nunca o que a gente espera.*
*Cada passo da aprendizagem é uma nova tarefa,*
*e o medo que o homem experimenta começa a crescer*
*impiedosamente,*
*sem ceder e*
*seu propósito torna-se um campo de batalha...*

*Carlos Aranha Castaneda*
*(Os Quatros Inimigos de um Homem de Conhecimento)*

*Aos meus sagrados guias e que tem-me oferendado o belo dom da vida, os Deuses os protejam no lugar do cosmos onde estiveram queridos Rosa Lugo e Naudin Hurtado.*

*Aos meus filhos Santiago, Emmanuel, Sarah e a minha querida esposa Hilda*

*Aos meus irmãos Joan, Alejandra,Dal heidy, Omar Alexis*

*A todos gratidão, em especial aos que tem tido a paciência e sabedoria em avançar nesta aventura chamada vida.*

*À vida que me licenciou viver neste efêmero tempo mortal, onde os Deuses desceram à Terra e viveram como os homens. Falaram frente a frente sobre coisas simples e imortais. E ensinaram coisas esquecidas que encontram-se dentro do homem, no centro dele, na descendência deles. Eles lembraram que o único caminho seria retornar pelo caminho do meio, pelo caminho das sete luzes e dos quatros rios que são dois, que é UM. Que seguindo esse caminho talvez possamos retornar a nosso origem...*

*Dedico e Ofereço.*

## AGRADECIMENTOS

Considero que sou afortunado por ter estudado num dos melhores departamentos de Genética e Melhoramento Animal do continente Americano. Os pesquisadores, professores, estudantes, funcionários e empregados me brindaram um ambiente científico, social e humano que superaram qualquer expectativa.

Aos Prof. Dr. Humberto Tonhati e Francisco Araujo Neto por ter se envolvido ao longo deste projeto, com as suas valiosas sugestões e considerações. Obrigado aos pesquisadores Raul Aspilcueta e Lenira el Faro pela sua co-orientação acadêmica.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, processo: 2009/53773-1) pela concessão da bolsa de Doutorado e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) no Brasil. As informações zootécnicas da Colômbia foram financiadas pelo Ministério da Agricultura e Desenvolvimento Rural e a Associação de Criadores de Bovinos (FEDEGAN) mediante o projeto "Consolidación del sistema de registro genealógico y control lechero de búfalos y su impacto en la producción y el mejoramiento de los rebaños colombianos", Projeto: MADR 2008Q7542 e administrado pelo Prof. Dr. Mario Cerón muñoz.

Aos membros da banca examinadora os Professores Henrique Nunes de Oliveira, Josineudson Augusto Vasconcelos, Leonardo de Oliveira Seno e Francisco Araujo Neto.

Aos criadores de bubalinos e que participaram dos programas de controle leiteiro do Brasil e Colômbia.

A minha mais sincera gratidão ao Francisco Araujo, Humberto Tonhati, Raul Aspilcueta, Daniel Santos, Dimas Oliveira, José Miguel Cotes, Elkin Arboleda, Luis Varona, Diogo Garcia, Daniel Gordo, Daniela Portela, Cruz Helena Enriquez, Henrique Nunes, Anna Flávia Araujo, Cristina Herrera, Divier Agudelo, Samir Calvo, Jacobo Cañas, Daniele Portela, Mario Cerón, Hector Sanchez pela amizade, paciência, ensinamentos e discussões sobre os aspectos éticos, morais e científicos que foram realmente influentes sobre a minha compreensão da bio-estatística, estatística genética e programação.

Ao sem numero de amigos da Colômbia e do Brasil, da salinha e do departamento da FCAV-Unesp(Jaboticabal), pelos momentos de aprendizado, trabalho e risadas.

Aos desconhecidos... Por que eles acreditaram que o nosso mundo poderia ser melhor e mesmo evoluir a estados superiores de consciência. Por que acreditaram no prazer que dá ajudar as pessoas há quilômetros de distância ou mesmo por perto sem

conhecê-los. E ainda assim tentaram ajudar com a gratificante alegria que proporciona o anonimato e sem recompensa, mesmo sem nenhum tipo de "Banner". Obrigado àqueles visionários...

## RELAÇÃO DE ABREVIATURA E SÍMBOLOS

CG = Correlação genética
CP = Correlação de Pearson
CR = Classificação dos reprodutores em comum
ED = Descritor ambiental
GC = Grupo contemporâneo
GCPLDC = Grupo contemporâneo da PLDC
GCPL270 = Grupos contemporâneo da PL270
HV = Heterogeneidade de Variâncias
HVr = Heterogeneidade de Variância residual
IGA = Interação Genótipo Ambiente
INTERBULL= International Bull Evaluation Service (Serviço de Avaliação Internacional de Touro)
MACE = Multiple Across Country Evaluation (Avaliação Múltipla entre Países)
NRA = Norma de reação adaptativa
LAI = Limites de alta densidade inferior
LAS = Limites de alta densidade superior
L0 = Parâmetro intercepto
LI = Parâmetro linear
PLDC = Produções de leite no dia do controle
PL270 = Produção de leite aos 270 dias de lactação
PG270 = Produção de gordura aos 270 dias de lactação
PP270 = Produção de proteína até 270 dias da lactação
POL = Polinômios Ortogonais de Legendre
RN = Norma de reação adaptativa
RRM = Modelos regressão aleatória
TAE = Tamanho de amostra efetiva
VG = Valor genético
VGP = Valor genético predito

## LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1 – Estatísticas descritivas para produção de leite, gordura e proteína aos 270 dias de lactação no Brasil e Colômbia . . . . . 34
Tabela 2.3 – Distribuições de densidade posteriori das variâncias genética aditiva, fenotípica, residual e herdabilidade das produções acumuladas até aos 270 dias de lactação para leite, gordura e proteína. . . . . 37
Tabela 2.5 – Distribuições de densidade a posteriori das correlações genéticas, limite de alta densidade inferior(LAI) e superior(LAS) e tamanho de amostra efetiva(TAE) da produção de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) em função dos descritores ambientais (ED). . . . 38
Tabela 3.1 – Estatísticas descritivas para produção de leite no dia do controle em ambientes com curva de lactação de alta e baixa produção em rebanhos do Brasil . . . . . 47

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 2.1 – Distribuições de densidade a posteriori das correlações dos valores genéticos preditos do coeficiente de regressão linear em função do nível de produção de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) do modelo de norma de reação com duas classes de heterogeneidade de variância residual (6_res_2). . . . . 40
Figura 2.2 – Normas de reação de 20 reprodutores(10 maiores e 10 menores valores genéticos) em comum, expressas pelo valor genético (em Kg) para a produção de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) em função dos descritores ambientais. . . . . 41
Figura 3.1 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores do parâmetro intercepto(a), linear(b) e quadrático(c) do componente genético aditivo da curva da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270. . 51
Figura 3.2 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores do parâmetro intercepto(a), linear(b), quadrático(c) e cubico(d) do componente genético permanente da curva da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270. . . . . 52
Figura 3.3 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores das classes residuais agrupados pelo 1(a), 2-3(b), 4-8(c) e 9(d) meses de lactação da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270. . . . . 53
Figura 3.4 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior e superior das distribuições posteriores da variância genética aditiva(a), de ambiente permanente(b) e herdabilidade(c) da produção de leite no dia do controle em função dos níveis alta(gráfico superior) e baixa(gráfico inferior) produção da PL270. . . . . 54
Figura 3.5 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores das correlações genéticas entre os correspondentes níveis de produção de leite no dia do controle(C1-C9.) . . . . . 55

**SUMÁRIO**


LISTA DE TABELAS . . . . . xv

LISTA DE ILUSTRAÇÕES . . . . . xvi

SUMÁRIO . . . . . xvii

CAPÍTULO 1 CONSIDERAÇÕES GERAIS . . . . . 21

**1.1 Introdução** . . . . . **21**

**1.2 OBJETIVO DO ESTUDO** . . . . . **23**

1.2.1 Geral . . . . . 23

**1.3 Revisão de literatura** . . . . . **23**

1.3.1 Problemas e consequências do efeito da interação genótipo ambiente 23

**1.4 Formas de se avaliar o efeito da interação genótipo ambiente** . . **26**

1.4.1 estudos de interação genótipo ambiente en bovinos leiteiros . . . . . 28

CAPÍTULO 2 INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BÚFALAS DO BRASIL E COLÔMBIA . . . . . 31

**2.1 Resumo** . . . . . **31**

**2.2 Introdução** . . . . . **32**

**2.3 Material e Métodos** . . . . . **33**

2.3.1 Descrição dos dados . . . . . 33

2.3.2 definição dos descritores ambientais (ED) . . . . . 33

2.3.3 Metodologia estatística . . . . . 34

**2.4 Resultados e Discussão** . . . . . **36**

**2.5 Conclusões** . . . . . **42**

CAPÍTULO 3 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM AMBIENTES COM CURVA DE LACTAÇÃO DE ALTA E BAIXA PRODUÇÃO EM BÚFALOS LEITEIROS . . . . . 45

**3.1 Resumo** . . . . . **45**

**3.2 Introdução** . . . . . **46**

**3.3 Materiais e Métodos** . . . . . **47**

3.3.1 Descrição dos dados . . . . . 47

3.3.2 Formação dos descritores ambientais . . . . . 48

3.3.3 Metodologia estatística . . . . . 48

**3.4 Resultados e Discussão** . . . . . **50**

**3.5 Conclusões . . . . . 56**

CAPÍTULO 4 CONSIDERAÇÕES FINAIS . . . . . 57

REFERÊNCIAS . . . . . 59

# ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE EM BÚFALOS LEITEIROS DO BRASIL E DA COLÔMBIA

## RESUMO

O objetivo deste estudo foi verificar a existência da interação genótipo ambiente(IGA) para características de importância econômica em bubalinos leiteiros do Brasil e Colômbia. No **primeiro capitulo** é apresentada uma descrição dos problemas e consequências do efeito da IGA, e seus efeitos sobre os parâmetros genéticos em bovinos leiteiros. Alem disso, são revisados as formas de se avaliar o efeito da IGA, e sua relevância na genética quantitativa. No **segundo capitulo** foi verificada a existência de heterogeneidade de variâncias(Hv) para a produção de leite(PL), gordura(PG) e proteína(PP) até 270 dias da lactação(P270) em rebanhos do Brasil e Colômbia. Na análise da norma de reação, os componentes de variâncias foram regredidos sobre a média da PL, PG e PP, ajustada para cada classe dos descritores ambientais (ED) em análises uni-características em modelos animais. As estimativas médias das distribuições das funções de densidade a posteriori dos componentes de variância e estimativas de correlação genética (CG) e herdabilidade das P270, tenderam a aumentar conforme maior o desvio-padrão fenotípico, e evidenciaram efeito de escala. As estimativas de CG, indicaram a existência de IGA para PL e PP. Entretanto, as CG para PG não evidenciaram IGA. Com base nos valores genéticos preditos foi observado minima alteração na reclassificação dos reprodutores em comum. Como conclusão sugere-se que no momento da seleção dos animais de forma conjunta é necessário levar em conta a Hv residual devido a sua influencia sobre os componentes de variância. No **terceiro capitulo** foi verificado o efeito de IGA para a produção de leite no dia do controle(PLDC) mediante análises multi-característicos em modelos animais. Na análise dos modelos de regressão aleatória(RRM), os componentes de variância das PLDC, foram regredidos sobre a média da produção de leite até 270 dias da lac- tação (PL270) ajustada para cada classe dos ED(alto e baixo nível da PL270). Os componentes de variância e estimativas de herdabilidades das PLDC, mostraram-se heterogêneas em função dos níveis da PL270. As CG foram positivas e altas entre PLDC adjacentes e diminuíram na medida que foram mais distantes. Como conclusão, sugere-se que ao realizar a seleção de animais é necessário levar a conta o nível de produção para cada curva de lactação nos rebanhos do Brasil. No **quarto capitulo** foram esboçadas as implicações e considerações sobre os efeitos da IGA, em rebanhos do Brasil e Colômbia.

**STUDY OF GENOTYPE ENVIRONMENT INTERACTION IN DAIRY BUFFALOES IN BRAZIL AND COLOMBIA**

## ABSTRACT

The aim of this study was verified the existence of genotype environment interaction (GxE) for traits of economic importance for dairy buffaloes in Brazil and Colombia. A description the problem and the consequences of GxE, and their effect on the genetic parameters in dairy cattle is presented in the **first chapter**. Moreover, the forms are reviewed to evaluate the effect of GxE, and its relevance to quantitative genetics. In the **second chapter** was verified the existence of heterogeneity of variances (Hv) for milk yield (MY), fat (FY) and protein (PY) to 270 days of lactation (Y270) in herds in Brazil and Colombia. In analyses reaction norm, the variance components were regressed on the average of MY, FY and PY, adjusted for each class of environmental descriptors (ED) in univariate-traits in animal models. The median estimates of the distributions functions posterior density of variance components and corresponding estimates of heritability and genetic correlations (GC) of Y270, tended to increase as a greater phenotypic standard deviation, and show a scale effect. Estimates of CG, suggested the existence of GxE for MY and PY. However, the GC showed no FY for GxE. Based on the genetic predicted values minimal change was observed in the reclassification of common sires. In conclusion, it is suggested that at the time of selection of animals jointly is necessary to take into account the residual Hv due to its influence on the variance components. In the **third chapter** was verified the GxE for test-day milk yield (TDMY) for multi-trait analysis in animal models. In the analysis of random regression models (RRM), the variance components of TDMY were regressed to the mean of milk yield to 270 days (MY270) adjusted for each class of ED (high and low level of MY270). The estimated Variance components and heritability for TDMY, were heterogeneous depending of levels MY270. The GC between TDMY were high and positive for adjacent test-days and decreased as the days between records increased. In conclusion, it is suggested to perform the selection of animals is necessary to take account of the level of MY270 for each lactation curve in Dairy cattle in Brazil. In the **fourth chapter** has outlined implications and considerations of GxE between Brazil and Colombia.

# CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

## 1.1 INTRODUÇÃO

A América do Sul possui ampla extensão territorial com regiões que apresentam considerável diversidade climatológica e topográfica e, em vários casos, as unidades de produção situam-se em zonas com condições não propícias para a criação e exploração pecuária. Nestes países não existe um sistema padrão de exploração em bovinos e, consequentemente, a diversidade dos sistemas de exploração está, em grande parte, ligado tanto às condições mencionadas anteriormente, quanto as diferenças dos fatores socioeconômicos, logísticos, culturais e de disponibilidade de recursos humanos de cada região e que indiretamente influenciam sobre os índices zootécnicos dos rebanhos. Por tanto, é necessário que criadores e entidades governamentais estejam conscientes da importância que exercem os fatores antes mencionados, sobre a variação de um conjunto de caracteres econômicos e que é, em parte, controlada por grande número de genes(efeitos aditivos). Assim, a acurada escolha dos futuros reprodutores encontrara-se associada à correta identificação e avaliação dos genótipos dentro das próprias necessidades dos sistemas de exploração.

Lembrando que a inconsistência da expressão fenotípica de um conjunto de genes é dada em função do ambiente (FALCONER; MACKAY; FRANKHAM, 1996). Consequentemente, quando são considerados diferentes ambientes, além dos efeitos genéticos e ambientais deve-se considerar o efeito da interação de ambos os efeitos, o qual é chamado de efeito da interação genótipo x ambiente (IGA). O efeito da IGA tem sido estudado de forma ampla, tendo como objetivo responder a antiga necessidade de avaliar a performance produtiva dos genótipos nos diferentes ambientes expostos (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; CALUS; VEERKAMP, 2003). Considerando que a premisa que o mesmo conjunto de genes são expressos, as possíveis diferenças nas respostas fenotipicas poderão ser devidas a heterogeneidade genética ou erro de variâncias nos ambientes considerados. Outra forma de se considerar o efeito da IGA é que a expressão de diferentes conjuntos de genes geram estimações de correlação genética (CG), e que pode ser obtida por modelos que consideram um caráter como duas características distintas em diferentes ambientes, e se a magnitude for inferior a unidade verificaria-se a existencia da IGA (ROBERTSON, 1959; FALCONER; MACKAY; FRANKHAM, 1996).

Mas a verificação do efeito da IGA é extraordinariamente complexo devido à existência de muitos genótipos e ambientes, e para obter o máximo progresso através da seleção, os indivíduos deverão ser criados em ambiente ótimo para a correta expressão do caráter de interesse e que, uma vez desenvolvidos, eles poderão ser

usados nos outros ambientes, admitindo como premisa que os caracteres genéticos requeridos pelo novo ambiente estejam presentes nos indivíduos. Isto torna-se difícil devido às condições próprias de cada genótipo (fisiológicas, bioquímicas, homeostase, regulação da expressão gênica e metabólica e arquitetura genética) e dos fatores micro(manejo) e macro (condições climáticas) ambientais aos quais são expostos os candidatos à seleção (SARWAR et al., 2009; MOCZEK et al., 2011; PAVLICEV; WAGNER, 2012; DEKLEVA et al., 2012; VANDENPLAS et al., 2013; MULDER et al., 2013).

Formas alternativas para avaliar e constatar o efeito da IGA, seria o uso de modelos estatísticos que considerem que as características de interesse possuam continuidade fisiológica sobre o ambiente. Este tipo de modelos denominados de norma de reação, permitiria então avaliar a plasticidade e robustez fenotípica dos genótipos, ao se considerar a heterogeneidade de variâncias em cada ambiente. De esta forma, a expressão de um genótipo em diferentes ambientes poderia ser descrita como uma função linear de um valor ou descritor ambiental (ED). Sendo que um ED, poderia ser definido como o desempenho médio de todos os genótipos naquele ambiente (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003). No caso de países como Brasil e Colômbia que compartilham material genético e objetivos de seleção similares, o uso de modelos estatísticos mais acurados alem de estudar o impacto da IGA, poderiam servir para selecionar de forma mais acurada os futuros reprodutores nos ED considerados. Desta forma, na troca de material genético, estariam levando em conta fatores ambientais e de manejo próprios dos sistemas de exploração e proporcionado soluções de acordo as reais necessidades dos criadores.

## 1.2 OBJETIVO DO ESTUDO

### 1.2.1 Geral

1. Desenvolver modelos apropriados para verificar a existência da interação genótipo ambiente para características de importância econômica em búfalos leiteiros do Brasil e da Colômbia. Para isso, foram estabelecidos os seguintes objetivos específicos:

    a) Estimar os parâmetros genéticos para a produção de acumulada aos 270 dias de lactação (P270) de leite(PL), gordura(PG) e proteína (PP) usando modelos de regressão aleatória na abordagem de norma de reação(RN), avaliando-se a heterogeneidade de variâncias residuais e gradientes ambientais com diferentes formações de classes.

    b) Descrever a RN dos animais em função das variações gradativas do ambiente para determinar a sensibilidade ou robustez dos animais a fim de estabelecer conclusões sobre o efeito da seleção de animais em ambientes de maior o menor nível produtivo.

    c) Estimar os parâmetros genéticos para a produção de leite no dia do controle(PLDC) em ambientes com curva de lactação de alta e baixa produção de leite aos 270 dias da lactação, mediante análises multi-característicos de regressão aleatória.

## 1.3 REVISÃO DE LITERATURA

### 1.3.1 Problemas e consequências do efeito da interação genótipo ambiente

O genótipo é a constituição genética base do indivíduo, sendo que o interesse do melhoramento genético animal, é determinar que características de importância econômica possam ser mensuradas e transferidas para as futuras gerações tendo seu fundamento na herança mendeliana. De forma geral, em um determinado ambiente, a expressão fenotípica de um carácter será o resultado da ação do genótipo (ou valor genotípico) sob a influência do ambiente. Desta forma, quando são considerados diferentes ambientes, além dos efeitos genéticos e ambientais, deve-se considerar o efeito da interação de ambos os efeitos, o qual é conhecido como efeito da interação genótipo ambiente(IGA). um dos principais desafios no melhoramento genético animal, baseia-se na premissa de avaliar corretamente o desempenho fenotípico dos genótipos no diferentes ambientes nos quais são expostos (KOLMODIN et al., 2002;

FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; CARDOSO; TEMPELMAN, 2012).

A expressão de diferentes conjuntos de genes permitem gerar estimativas de correlação de genética (CG) em dois ou mais ambientes. As primeiras referencias sobre o conceito de CG em trabalhos de IGA foram discutidas pelo Biólogo Dr.Douglas Falconer (FALCONER, 1952). Posteriormente, o Dr. Alan Robertson (ROBERTSON, 1959), se baseando nas ideias propostas pelo Dr. Falconer, para desenvolver seu trabalho no qual sugere que quando o valor da CG é próximo da unidade, o caráter está sendo controlado pelos mesmos genes nos diferentes ambientes. Para valores inferiores à unidade, o caráter deverá ser considerado como diferente para cada ambiente, uma vez que não são os mesmos genes, pelo menos parcialmente, que estão agindo em ambos os ambientes. E para valores com magnitude inferior a 0,80 evidenciou-se um forte indicativo da presença IGA, com possíveis mudanças de posto dos reprodutores em comum para os diferentes ambientes avaliados (STANTON et al., 1991; FALCONER; MACKAY; FRANKHAM, 1996).

Estudos posteriores, sugeriram que as diferenças nas respostas à seleção em função dos ambientes ou ED, podem ser geralmente atribuídas a dois tipos de IGA: o primeiro quando a característica não é controlada pelos mesmos genes e apresentam variações consideráveis nos valores genéticos (VG) em função dos ambientes (DICKERSON, 1962) e o segundo é resultado da heterogeneidade de Variâncias (HV), em que a classificação dos reprodutores pelo VG é o mesmo embora a resposta a seleção seja menor em ambientes com menor variabilidade (STANTON et al., 1991; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAMMAMI et al., 2009).

As pesquisas em bovinos leiteiros, sugerem que as possíveis diferenças nas respostas fenotípicas para um conjunto de genes que sejam expressos na mesma intensidade, poderão ser devidas à HV residuais. (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008). Em estudos de IGA, foi observado que modelos estatísticos que assumiram HV residual, apresentaram componentes de variância mais confiáveis ao longo dos ED, em comparação de aqueles em que foram assumidas variâncias homogêneas. Possivelmente devido a inclusão de efeitos específicos dentro dos rebanhos, como por exemplo a qualidade dos dados coletados em campo (KOLMODIN et al., 2004; SHARIATI; SORENSEN, 2008). Dentro de este contexto, vários estudos sugerem que o levantamento e registro das informações zootécnicas poderiam alterar a magnitude dos resíduos e presentar influencia sobre a Hv residual (KEARNEY et al., 2004; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; BURROW, 2012). Desta forma, se a HV não for tratada devidamente, poderia implicar em predição viesada dos valores genéticos. A situação pode-

se tornar mais delicada em conjuntos de dados com poucas informações disponíveis, já que a estimação dos componentes de (co)variância poderia estar comprometida, devido as pressuposições do modelo estatístico.

Assim, cada rebanho ou país terá que avaliar a qualidade e número de registros zootécnicos e posteriormente avaliar seus recursos genéticos. No entanto, a solução pratica para rebanhos ou países com número de registros limitados, seria realizar avaliação genética em conjunto. Desta forma, possíveis candidatos (reprodutores) à seleção de diversas origens poderão ser avaliados simultaneamente pelo seu VG em função dos ED. Ao final deste processo será obtida uma avaliação genética, levando em conta os efeitos de Hv genética ou residual dentro do modelo estatístico. Esta forma de avaliação poderia evitar investimentos em futuros reprodutores, que poderiam não corresponder à expressão fenotípica em determinadas regiões ou ambientes produtivos e com certo tipo de manejo.

Neste sentido, a avaliação conjunta e a seleção de touros, permitiria um progresso genético considerável quando os países tem idênticos o similares programas de seleção(BANOS; SMITH, 1991; BANOS; WIGGANS; ROBINSON, 1992; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003). Desta forma, as avaliações de recursos genéticos entre países podem trazer benefícios, como a avaliação de um grande número de reprodutores em diferentes ambientes e avaliação de metodologias para avaliação de espécies com populações pequenas. Este fato, permitirá que países que não pertencem a esquemas de avaliação genética(INTERBULL), com baixo nível genético de seus rebanhos, possam beneficiar-se da seleção de reprodutores conjuntamente, especificamente como ocorre com os rebanhos do Brasil e Colômbia.

Dentro deste mesmo contexto,(COSTA et al., 2000) reportaram as diferenças nas respostas de correlação de Pearson, e demonstraram que um subconjunto de informações de reprodutores dos rebanhos dos Estados Unidos poderia predizer com aceitável precisão o desempenho das filhas em ambientes do Brasil. Esses autores sugeriram que nos procedimentos de avaliação genética poderiam ser incorporadas as informações de rebanhos estrangeiros ou nacionais, com o objetivo de aumentar as acurácias dos reprodutores em vários ambientes do Brasil.

Dentro deste contexto, (RORATO et al., 2000; CALUS; GROEN; JONG, 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAMMAMI et al., 2009) reportaram que a reclassificação de reprodutores foi evidenciada em função dos ambientes, para touros com descendentes em comum. Estes autores, sugeriram que o coeficiente de correlação de Pearson variou entre 0,19 e 0,83, sendo que este efeito poderia levar a super ou subestimação da expectativa da resposta fenotípica das filhas nos diferentes ambi-

entes considerados. Estes fatos sugerem que as informações de rebanho ou países deveriam consolidar-se previamente antes de realizar-se avaliações conjuntas, para obter o máximo de beneficio da seleção.

## 1.4 FORMAS DE SE AVALIAR O EFEITO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE

Os primeiros estudos sobre IGA, propuseram o uso de modelos lineares mistos e consideraram os efeitos da interação entre genótipos e ambientes como indicativo de IGA (FALCONER, 1952; ROBERTSON, 1959). Desta forma, o efeito da interação seria considerado como aleatório e o ponto forte das inferências estariam centralizados nos componentes de variância. Dentro desse contexto, o uso de modelos mistos é muito utilizado na área da genética animal (HENDERSON, 1973). Basicamente, os modelos lineares mistos são utilizados para descrever dados de experimentos que apresentam tratamentos que envolvem fatores fixos e aleatórios, independentemente da média e do erro. Nos modelos lineares mistos, os coeficientes de regressão podem ser associados aos indivíduos e tratados conjuntamente como efeitos aleatórios (HENDERSON, 1984). Desta forma, se os indivíduos apresentam medidas repetidas ou dados longitudinais, as possíveis variações nas respostas(geno ou fenótipo) poderiam ser explicadas através de uma função linear. Consequentemente, se as co-variáveis ou variáveis independentes fossem tratadas como constantes, e os coeficientes de regressão fossem associados as co-variáveis para cada indivíduo (possuindo distribuição aleatória), poderiam ser denominados como modelos de regressão aleatória (RRM). (JR, 1982).

Desde o ponto de vista zootécnico a definição do ambiente pode ser determinado pela disponibilidade de recursos geográficos, climáticos, topográficos; e das perspectivas sócio-econômicas, as quais mudam mudam dependendo das politicas agropecuárias para cada região ou país (FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAILEMARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; HAMMAMI et al., 2009). No melhoramento genético animal, o ambiente mais comum de comparação entre indivíduos é baseado na formação do rebanho, sendo que este pode ser considerado como um único ambiente ou descritor ambiental (ED). Desta forma, as variações na expressão fenotípica dos indivíduos poderão ser explicadas em função do ED. E além disso, poderá medir as diferenças na capacidade dos genótipos em reagir as possíveis combinações entre manejo e ambiente, sendo que a medida da capacidade dos genótipos em reagir em função do ED, é definida como sensibilidade ambiental.

No caso, de bovinos de leite o efeito do rebanho tem sido o principal fator ambiental testado para determinar quais condições nos rebanhos propiciariam uma maior acurácia nas estimativas dos parâmetros genéticos. Diferentes pesquisadores

têm agrupado os rebanhos de acordo com suas similaridades ambientais, entretanto a forma como são agrupados esses rebanhos é um problema. Devido ao considerável número de fatores não quantificados, dentro de um rebanho, seria quase impossível determinar a origem dos efeitos ambientais e de manejo que modificariam a expressão fenotípica dos genótipos (DICKERSON, 1962; CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; BURROW, 2012). Para facilitar a conformação dos EDs, e realizar comparações mais acuradas dos indivíduos, ambientes ou EDs, poderiam ser definidos, baseando-se em formações de grupos dentro de rebanhos (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; CALUS; VEERKAMP, 2003).

A formação mais comum do ED, é baseada na produção média do rebanho (Variável contínua) ou sistemas de exploração (Variável discreta). Uma característica de interesse pode apresentar efeito de efeito de escala em função dos gradientes ambientais. O efeito de escala pode ser definido como o aumento da produção de leite dos animais, e à medida que os animais aumentassem a produção, haveria também aumento no desvio padrão, evidenciando tendência de correlação ente média e variância da produção de leite. Em gado Bovino leiteiro a formação de ED discreta foram: climas, regiões ou países (CIENFUEGOS-RIVAS et al., 1999; KOLMODIN et al., 2004), intensidade de exploração dos sistemas de produção (POSADAS et al., 2012). E para ED contínuos: produção média do rebanho (KOLMODIN et al., 2002), desvios do grupo de produção (RORATO et al., 2000; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003), nível de produção (HAMMAMI et al., 2009) ou média de fertilidade ou porcentagem de gordura (CALUS; VEERKAMP, 2003).

No caso de analisar o efeito de IGA mediante a formação de variáveis discretas utilizando RRM, apresenta limitações quanto ao número de genótipos e ambientes pequenos, devido ao fato do modelo estatístico não fazer distinção entre os efeitos de escala e a classificação dos reprodutores como causas da interação. Assim, para obter maior acurácia na avaliação, foram propostos modelos estatísticos na área da genética animal, para analisar variáveis em escalas continuas e que apresentam-se um maior grau de refinamento para seleção de indivíduos em diferentes ambientes e que foram denominados normas de reação (JONG; BIJMA, 2002; KOLMODIN et al., 2002; CALUS; GROEN; JONG, 2002; PÉGOLO et al., 2009), tendo sido já previstas e denominadas por (SARKAR, 1999) como adaptativas(NRA).

As pesquisas desenvolvidas em gado leiteiro usa a NRA, via RRM, e que permite generalizar variáveis de interesse para um número infinito de ambientes. A NRA é uma função que relaciona a expressão da média feno ou genotipicamente em função de um ED. De forma geral, nos NRA, as interações tem sido analisadas de forma aditiva(linear) ou não aditiva (não lineares), mas de forma prática tem-se tratado de

forma linear (PÉGOLO et al., 2009). Na NRA utiliza-se do intercepto aleatório (nível ou classes de nível) e do coeficiente de angularidade (inclinação) de cada animal para quantificar a IGA. A inclinação da NRA é denotada como a plasticidade fenotípica ou sensibilidade ambiental. Desta forma, o grau de inclinação da pendente na população indicará a presença e intensidade da IGA. Assim, é possível estudar a NRA dos animais para variações gradativas no ambiente, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio de desempenho observado em função do ED.

Na NRA supõe-se que as características possuem continuidade fisiológica sobre os ambientes considerados. Permitindo, consequentemente, avaliar a plasticidade ou robustez fenotípica dos genótipos, ao se considerar a HV em cada ambiente (KOLMODIN et al., 2002; CALUS; VEERKAMP, 2003; HAMMAMI et al., 2009). A plasticidade fenotípica é definida como a habilidade de um determinado genótipo produzir diferentes fenótipos em função do ambiente (PIGLIUCCI, 2005; AULD; AGRAWAL; RELYEA, 2010; MOCZEK et al., 2011; MURREN et al., 2014). No caso da robustez, pode ser simplesmente definida como a insensibilidade das características às mudanças ocorridas no ambiente e que poderiam dar expressões fenotípicas estáveis.

De forma geral, as respostas na plasticidade fenotípica poderiam ser representada graficamente como os fenótipos(genótipos) versus os valores ambientais. Desta forma, serão evidenciadas as mudanças na pendente e na curvatura, que poderiam ser plásticas(maior sensibilidade) ou robustas(menor sensibilidade) e que comumente são chamadas de normas de reação (PIGLIUCCI, 2005; MOCZEK et al., 2011). Assim, a sensibilidade ou plasticidade ambiental é uma poderosa ferramenta que serve para quantificar os efeitos da IGA em grande variedade de organismos. Alem disso, permite estudar as mudanças reversíveis ou não das características nas populações de interesse, bem como mecanismos de desenvolvimento e evolução, entre outras.

### 1.4.1 estudos de interação genótipo ambiente en bovinos leiteiros

Os RRM tem permitindo incluir a informação de uma variável dependente no modelo explanatório, tendo a vantagem de discriminar objetivamente os ambientes, como mais ou menos favoráveis (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008). Desta forma, o efeito da IGA pode ser sistematicamente avaliado pela regressão dos VG dos reprodutores sobre alguma medida dos ED onde sua progênie é criada (KOLMODIN et al., 2004; CALUS; GROEN; JONG, 2002; HAMMAMI et al., 2009).

A maioria dos trabalhos que utilizaram NRA, indicaram que a variação genética aditiva mudou conforme foram observadas variações nos ED, e consequentemente

os indivíduos apresentaram diferença na sensibilidade da expressão fenotípica dos caracteres em função do ambiente (KOLMODIN et al., 2004; CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; HAMMAMI et al., 2009; CARDOSO; TEMPELMAN, 2012). De forma geral, os componentes de variancia aumentaram conforme a melhoria do ambiente, considerando-se que o efeito da IGA, foi essencialmente devido ao efeito de escala e que são influenciados por efeitos explicativos próprios de cada ambiente (KOLMODIN et al., 2002; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004).

Devido a quantidade considerável de efeitos não quantificados nos estudos de IGA, (HAMMAMI et al., 2009) sugeriram que os criadores deveriam selecionar genótipos baseados na expressão fenotípica dentro de condições ambientais similares, onde esses genótipos terão melhor performance em função das melhores condições ambientais. Por outro lado, levando em consideração a rápida integração entre áreas interdisciplinares e o incremento na capacidade de processamento computacional, os modelos matemáticos usados poderiam incorporar consideráveis volumes de informações de variáveis fenotípicas, climatológicas e moleculares para explorar o efeito da IGA (LILLEHAMMER; ØDEGÅRD; MEUWISSEN, 2009; AGUILAR; MISZTAL; TSURUTA, 2010; JARQUÍN et al., 2014). Para as características complexas que são afetadas por grande numero de fatores genéticos, ambientais e suas interações, a inclusão de informações genômicas e desenvolvimento de modelos matemáticos, poderia trazer benefícios consideráveis na quantificação da IGA (YAP et al., 2011; WANG et al., 2012; JARQUÍN et al., 2014). Desta forma, a possibilidade de selecionar para a sensibilidade dos genótipos, em função do ambiente, seria mais acurada (JONG; BIJMA, 2002).

Estudos recentes indicaram grande interesse sobre a plasticidade do comportamento (DINGEMANSE; WOLF, 2013). Pesquisas futuras deverão centrar-se sobre as diferenças populacionais ou individuais, com o objetivo de desvendar as expressões fenotípicas são características próprias da população ou até que ponto as diferenças na plasticidade do comportamento são individuais dentro das populações. Esse fato poderia trazer melhor compreensão sobre as diferenças na plasticidade individual, as quais são dependentes da estabilidade e persistência da população através do tempo ou das mudanças ambientais.

No entanto, para determinar se as NRA dos animais poderiam estar ligadas a eventos espaço-temporais dentro da população ou em função dos ED, seria necessário a incorporação da informação genômica dos indivíduos para inferir com maior acurácia a resposta fenotípica dos caracteres. Desta forma, poderiam ser quantificados os custos e limites da plasticidade em um ambiente em constante mudança e realçar a importância da previsibilidade ambiental (REED et al., 2010; CHEVIN; LANDE;

MACE, 2010). Com a maior disponibilidade de informações nas diferentes áreas do conhecimento, os programas de genética e melhoramento animal poderiam detectar genes com maior estabilidade ambiental e levar em consideração a dinâmica da arquitetura genética das populações, permitindo retornos econômicos mais adequados aos sistemas ambientais e de produção.

# CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA EM BÚFALAS DO BRASIL E COLÔMBIA

## 2.1 RESUMO

Foi estudado o efeito da interação genótipo ambiente(IGA) via norma de reação (NR) para a produção de acumulada aos 270 dias de lactação de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína (PP270) por meio de modelos de regressão aleatória(RRM) uni-variados em modelos animais, mediante inferência Bayesiana. Na análise dos RRM os componentes de variâncias foram regredidos sobre a média da P270 ajustada para cada classe dos descritores ambientais (ED). Foram considerados como efeitos fixos; GC, número de ordenhas, país, e como covariável a idade da vaca ao parto(trajetória fixa de ordem cúbica). A curva média de lactação da população foi modelada por meio de um polinômio ortogonal de Legendre de segunda ordem. Além disso, foram incluídos os efeitos aleatórios genéticos aditivos e o resíduo. Para o efeito aleatório do resíduo foram consideradas variâncias heterogêneas. Os valores das médias dos componentes de variância e herdabilidades estimadas para a produção de leite e constituintes tenderam a aumentar conforme foi maior o desvio-padrão fenotípico, e evidenciando-se efeito de escala. As estimativas de correlação genética(CG) ao longo dos ED, evidenciaram efeito significativo de IGA para PL270 e PP270. Sendo que para PG270, não foi verificado efeito de IGA. As estimativas das correlações dos valores genéticos entre o coeficiente de regressão linear e os ED, variaram entre 0,80 e 0,99. Evidenciando que o ângulo de inclinação foi maior conforme os ambientes foram mais discrepantes, confirmando a sensibilidade dos genótipos em função do nível de produção. A classificação dos reprodutores evidenciou alteração de posto em ambientes diferenciados produtivamente, especialmente para a PL270 e PP270. Como conclusão, a modelagem da NR confirmou a presença de IGA para a PL270 e PP270, no entanto para a PG270 não foi verificado. A amplitude dos intervalos de credibilidade sugere que a seleção de indivíduos seja cuidadosa devido a sensibilidade ambiental dos genótipos nestes rebanhos. Desta forma, sugere-se que ao realizar a seleção de reprodutores de forma conjunta é necessário levar em conta a heterogeneidade de variância residual e distribuição dos genótipos em função dos ambientes nos rebanhos do Brasil e Colômbia.

**Palavras Chave:** descritor ambiental, funções de covariância, polinômios de Legendre

## 2.2 INTRODUÇÃO

O pagamento do leite e seus constituintes depende do relacionamento dos setores produtivos, de processamento de alimentos e entes estatais, que por sua vez modelam o pagamento da produção de leite em função da cota leiteira, delineamentos nas políticas pecuárias, proximidade dos centros de produção, ou incentivos por altos teores de gordura e proteína, refrigeração, baixo nível de microrganismos e contagem de células somáticas, entre outras. Consequentemente, os bubalinocultores necessariamente deverão adequar-se as políticas de comercialização e seleção de reprodutores em função da variação ambiental e topográfica dos rebanhos tropicais. Desta forma, surge a necessidade de avaliar o efeito da interação genótipo ambiente (IGA) devido seu impacto ser considerável nos sistemas de produção pecuária e poder diminuir de forma considerável a produção e rentabilidade dos rebanhos

Os animais domésticos tendem a se adaptar ao ambiente em que são selecionados e é provável que a seleção para o incremento do nível produtivo dos rebanhos leve em consideração a sensibilidade ambiental (KOLMODIN et al., 2002; CALUS; VEERKAMP, 2003; HAMMAMI et al., 2009). Consequentemente, o ponto chave seria determinar o grau em que a seleção genética pode afetar a capacidade dos animais se adaptarem às condições de manejo e ambiente nos diferentes sistemas de exploração, nos quais serão usados como reprodutores. Rebanhos ou países que possuem objetivos de seleção e material genético em comum, e que não pertencem a esquemas de avaliação genética internacional, poderiam se beneficiar com a incorporação de informações de descendentes de reprodutores em comum (FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003). Assim, dentro das vantagens de avaliar os recursos genéticos dentro das próprias condições, poderia evitar consideráveis investimentos em reprodutores, que podem não corresponder ao esperado em determinadas regiões, ambientes produtivos ou manejo. A avaliação dos próprios recursos genéticos poderia reduzir os custos dos programas de controle leiteiro devido a inclusão de genótipos pouco adaptados; podendo-se obter, desta forma o máximo progresso por meio da seleção nos variados ambientes (COSTA et al., 2000; HAMMAMI et al., 2009; LILLEHAMMER; ØDEGÅRD; MEUWISSEN, 2009).

No entanto, as pesquisas em bovinos leiteiros sugeriram que a resposta diferenciada dos genótipos encontra-se associada à conformação dos descritores ambientais(ED), condições específicas de manejo, heterogeneidade de variâncias e a magnitude do efeito de escala da característica em questão (CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; ARAÚJO et al., 2008), e poderia trazer alteração nos valores genéticos (VG) e reclassificação dos reproduto-

res (FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; MOITA et al., 2010; CARDOSO; TEMPELMAN, 2012). Tendo em vista a importância dos búfalos para a pecuária das regiões tropicais, o objetivo de nossa pesquisa foi verificar a sensibilidade ambiental para características de importância econômica em búfalas de primeiro parto, usando norma de reação adaptativa implementando modelo animal via regressão aleatória uni-variada.

## 2.3 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.3.1 Descrição dos dados

Os dados utilizados foram procedentes dos programas de controle leiteiro da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/Unesp-campus de Jaboticabal (São Paulo, Brasil) e da Faculdade de Ciências Agrárias/UDEA-campus de Medellín (Antioquia, Colômbia) entre os anos de 1995 e 2011. Foram analisadas as produções acumuladas até aos 270 dias da lactação (P270) de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) de búfalas de primeiro parto com idades entre 24 e 52 meses. Na análise de consistência dos dados foram eliminados registros de animais com identificação que fosse duplicada ou duvidosa, sem data de nascimento, registro de produção ou sem data de partos. Foram descartadas lactações inferiores a 90 dias, as P270 superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrões em relação à média dos grupos contemporâneo (GC). Os GC foram definidos como rebanho, ano e estação de parto, e aqueles GC com menos de três observações foram eliminados. Por outro lado, em ambos os países, búfalas com o primeiro controle mensurado após os 45 dias de lactação, também foram eliminadas. Foram definidas as estações de parto nos rebanhos do Brasil (1: abril a setembro e 2: outubro a março) e Colômbia (1:Dezembro a junho e 2:novembro a maio). Em todas as análises foi utilizado um arquivo de pedigree contendo 14.074 animais na matriz de parentesco.

### 2.3.2 definição dos descritores ambientais (ED)

Os descritores ambientais(ED) foram definidos pelos desvios-padrão padronizados dos grupos de fazenda de produção, ano e estação de parto das P270. Resultando 6 classes de ED para as P270, com intervalos equidistantes, sendo para a PL270: ED1(<-0.7), ED2(de -0.7a té -0.3), ED3(de -0.3 até 0.0), ED4(de 0.0 até 0.3), ED5(de 0.3 até 0.7, ED6(>0.7); PG270: ED1(<-0.5), ED2(de -0.5 até -0.3), ED3(de -0.3 até 0.0), ED4(de 0.0 até 0.3), ED5(de 0.3 até 0.5), ED6(>0.5) e PP270: ED1(<-0.6), ED2(de -0.6 até -0.4), ED3(de -0.4 até 0.0), ED4(de 0.0 até 0.4), ED5(de 0.4 até 0.6), ED6(>0.6).

Na definição dos touros de conexão foram considerados aqueles que tinham mais de três filhas, e com mínimo em dois ambientes. Foram eliminados touros com apenas um filho. Alem disso, foram eliminados GC com menos de três indivíduos ou sem touros de conexão. As estatísticas descritivas das características analisadas em função dos ED são dados na tabela 2.1.

Tabela 2.1 – Número de observações (Nº), média(Kg), desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV) das produções acumuladas até aos 270 dias de lactação (P270) da leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) em função dos descritores ambientais (ED).

| ED | Nº | Média | DP | CV(%) | Nº | Média | DP | CV(%) | Nº | Média | DP | CV(%) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | PL | | | | PG | | | | PP | | |
| 1 | 235 | 1079,98 | 391,73 | 36,27 | 189 | 88,74 | 22,62 | 25,49 | 133 | 54,98 | 15,62 | 28,41 |
| 2 | 370 | 1438,29 | 447,01 | 31,08 | 64 | 94,78 | 31,76 | 33,50 | 64 | 53,74 | 21,98 | 40,88 |
| 3 | 405 | 1551,06 | 453,04 | 29,21 | 186 | 108,30 | 32,76 | 30,25 | 156 | 66,97 | 20,63 | 30,80 |
| 4 | 445 | 1820,50 | 425,45 | 23,37 | 71 | 119,91 | 33,31 | 27,78 | 230 | 83,16 | 18,40 | 22,13 |
| 5 | 472 | 1920,96 | 548,86 | 28,57 | 138 | 132,37 | 31,69 | 23,94 | 89 | 87,63 | 21,96 | 25,06 |
| 6 | 205 | 2251,22 | 558,61 | 24,81 | 169 | 135,71 | 38,63 | 28,47 | 123 | 89,86 | 26,98 | 30,03 |

### 2.3.3 Metodologia estatística

Para as P270 das características consideradas foram realizadas análises unicaracterísticas de norma de reação (RN) via regressão aleatória(RRM), em modelos animais, mediante inferência Bayesiana. Na análise dos RRM, os componentes de variâncias foram regredidos sobre a média da P270 ajustada para cada classe dos ED. Foram considerados como efeitos fixos; GC, número de ordenhas, país e como covariável a idade da vaca ao parto(trajetória fixa de ordem quadrática). A curva fixa da regressão foi modelada por meio de um polinômio ortogonal de Legendre (POL) de segunda ordem. Além disso, foram incluídos os efeitos aleatórios do intercepto, linear, genéticos aditivos e o resíduo. Em notação matricial do RRM completo pode ser assim apresentado:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que: y é o vetor de observações (PL270, PG270 e PP270) das características analisadas e $\beta$, $a$ e $e$ são nesta ordem vetores dos efeitos fixos, dos coeficientes genéticos aditivo diretos e residuais ($e$); X e Z, são, respectivamente, as matrizes de incidência referentes a $\beta$ e $a$. Foram consideradas distribuições a priori uniformes para os efeitos fixos, gaussianas para os coeficientes genéticos e Wishart invertidas para os componentes de variância genéticos, tal que:

$$\beta \propto \text{constante}$$

$$a \mid k_a \sim N\Big[0, k_a \otimes A\Big]$$
$$k_a \mid S_a, v_a \sim IW\Big[S_a v_a, v_a\Big]$$

em que: $k_a$ é a matriz de (co) variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos do animal; $\boldsymbol{A}$ é a matriz de parentesco aditivo; $S_a$ e $v_a$ são os valores da *a priori* dos parâmetros da distribuição da Wishart. Para a $i$-ésima classe da variância residual($\sigma_e^2$), os valores *a priori* foram obtidas das distribuições Chi-Quadrada escalonada invertida:

$$\sigma_{e-i}^2 \mid S, v \sim X^2(S, v),$$

em que: são os parâmetros da distribuição invertida *a priori* para a $\sigma_e^2$ para a $i$-ésima classe.

Para o efeito aleatório do resíduo foram consideradas variâncias heterogêneas. O agrupamento em classes foi realizado em função da semelhança entre as estimativas de variâncias residuais para os modelos contendo 6 ED, da seguinte forma: dos (1-3, 4-6), quatro(1,2-3, 4-5,6) ou seis (1, 2, 3, 4, 5 e 6) classes residuais(Tabela 2.1). A comparação dos modelos foi realizada com base no Critério de Informação da *Deviance*(DIC). A estimação dos componentes de (co)variância foi realizada por inferência Bayesiana, empregando o programa GIBBS3F90 (MISZTAL, 2013).

Foi estabelecida um comprimento de 1.700.000 iterações, com descarte inicial de 200.000, e coleta de amostras a cada 100 iterações, com um total de 15.000 dados de amostragens para análises posteriores. O diagnóstico de convergência dos parâmetros estimados foi realizado através de inspeção gráfica e do Z-score proposto por (GEWEKE et al., 1991). Por meio das distribuições posteriores de cada parâmetro foram estimados os componentes de variância para cada classe e correlações genéticas (CG) vetor a vetor. Após esta etapa, procedeu-se a obtenção das estatísticas descritivas e do intervalo de alta densidade de cada parâmetro estimado.

Os valores genéticos (VG) foram obtidos da distribuição a posteriori dos coeficientes de regressão aleatória estimados. Para cada característica, os valores genéticos ($EBVs_{jt}$) do animal$_j$ das P270$_t$ em cada ED foram obtidas:

$$EBV_{jt} = C_t \hat{a}_j,$$

Onde: $C_t$ é o vetor coluna das (co)variáveis dos POL para cada animal e $_j$, é o vetor coluna com os VG para os coeficientes das funções de covariância. Posteriormente, foi realizada a correlação entre os VG, e cada um dos ED, a fim de estabelecer con-

clusões sobre o efeito da seleção dos animais em função de ambientes com maior ou menor nível produtivo em função das P270.

## 2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi verificado que o período de burn-in e o número de amostras restantes(2.000-15.000) foram suficientes para descrever a distribuição de densidade posterior dos componentes de variância. Com relação à confiabilidade das estimativas (testadas pelos limites de alta densidade), estas apresentaram ampla variação nos ambientes extremos, possivelmente em virtude da quantidade de informações disponíveis para a análise e do parâmetro em questão. No entanto, o tamanho de amostra efetiva (TAE), demostrou ser suficiente para explicar todos os parâmetros (Tabela 2.3). A amplitude dos intervalos de confiança dos componentes de variância, poderiam ser explicados pela variação no manejo e ambiente aos quais encontram-se expostos os sistemas de exploração bubalinos (MARAI; HAEEB, 2010; HURTADO-LUGO et al., 2011; DUNN et al., 2014). Outra explicação, poderia estar associada a obtenção de estimativas de componentes de variância mais acurados ao longo dos ED, em modelos que assumiram heterogeneidade de variância residual (KOLMODIN et al., 2004; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; SHARIATI; SORENSEN, 2008).

A habilidade preditiva para modelar a heterogeneidade das classes de variância residual(HVr), baseados nos valores do DIC (critério de seleção), indicou que os RRM que consideraram estruturas com seis: 6_res_6 (31785,92; 7395,76; 6261,60) e quatro classes: 6_res_4 (31792,22; 7371,74; 6232,60), apresentaram problemas de convergência. Sendo que modelos com duas classes: 6_res_2 (31771,38; 7463,27; 6321,87), foram mais parcimoniosos e permitiram realizar melhores interpretações biológicas dos componentes de variância para a PL270, PG270 e PP270, respectivamente (Tabela 2.3).

Neste estudo, a presencia da HVr, poderia estar associada à formação dos níveis de produção e condições especificas dentro dos rebanhos (Tabela 2.3). Neste sentido, nos trópicos, as condições ambientais influenciam de forma considerável a expressão fenotípica das características de interesse econômico. Como consequência, os criadores devem de implementar estrategias de manejo que podem não ser adequadas as práticas zootécnicas sugeridas; mas, no entanto, esta pratica são as mais aceitadas dentro das próprias condições sócio-econômicas e ambientais. Nesta situação, o levantamento e registro das informações poderiam alterar a magnitude dos resíduos e apresentar influência sobre a HVr (KEARNEY et al., 2004; HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; BURROW, 2012).

As distribuições posteriores dos componentes de variância para a produção de leite e constituintes evidenciaram maiores valores nas classes de maior desvio-padrão(efeito de escala)(Tabela 2.3). Nos ambientes com maior nível de produção(ED5 e ED6), os componentes de variância dos constituintes, foram superiores quando comparados à literatura (ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010a; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010b; HURTADO-LUGO et al., 2011). Neste estudo, os valores elevados da PG270 e PP270, poderiam ser explicados pela seleção de grupos de fêmeas com manejo ou acasalamento com reprodutores preferenciais, trazendo como consequência redução das variâncias dentro dos descritores ambientais e maximizando a variância genética aditiva relativa à variância fenotípica. As pesquisas em bovinos leiteiros sugeriram que as estimativas de variância genética aditiva tenderam a aumentar conforme as condições de ambiente melhoraram, o que poderia sugerir preferencias de grupos ou classes de reprodutores dentro dos rebanhos (KOLMODIN et al., 2002; CALUS; VEERKAMP, 2003; HAMMAMI et al., 2009; MOITA et al., 2010).

Tabela 2.3 – Distribuições de densidade posteriori das variâncias ($kg^2$) genética aditiva($\sigma_a^2$), fenotípica ($\sigma_p^2$), residual ($\sigma_r^2$) e herdabilidade ($h^2$) das produções de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) do modelo (6_res_2) em função dos descritores ambientais (ED).

| | ED | Média | LAI[a] | LAS[b] | TAE[c] | Média | LAI | LAS | TAE | Média | LAI | LAS | TAE |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | PL270 | | | | PG270 | | | PP270 | | |
| $\sigma_a^2$ | 1 | 36228,39 | 7080,75 | 68901,10 | 358 | 130,75 | 18,87 | 259,34 | 689 | 58,10 | 4,57 | 121,16 | 706 |
| | 2 | 44652,06 | 22419,64 | 68563,94 | 603 | 221,23 | 96,48 | 360,06 | 1380 | 75,90 | 27,51 | 131,29 | 1250 |
| | 3 | 50471,76 | 27698,08 | 74037,04 | 944 | 266,19 | 123,93 | 410,16 | 2281 | 87,97 | 37,68 | 142,14 | 1959 |
| | 4 | 63126,91 | 37994,64 | 89403,89 | 2770 | 353,80 | 179,44 | 525,37 | 6123 | 114,09 | 56,24 | 176,42 | 5935 |
| | 5 | 77581,58 | 45839,49 | 110508,06 | 4373 | 446,02 | 232,06 | 667,02 | 6785 | 143,83 | 69,92 | 222,04 | 6986 |
| | 6 | 112423,35 | 62113,28 | 168796,67 | 1786 | 653,26 | 328,25 | 1005,01 | 2663 | 215,31 | 90,68 | 346,91 | 1917 |
| $\sigma_p^2$ | 1 | 160549,31 | 137644,43 | 184870,80 | 654 | 531,35 | 434,34 | 634,66 | 1486 | 189,62 | 147,43 | 237,37 | 1434 |
| | 2 | 168972,98 | 152655,73 | 184817,13 | 3925 | 621,83 | 533,24 | 712,01 | 4908 | 207,42 | 171,65 | 244,19 | 4016 |
| | 3 | 174792,68 | 158198,51 | 192584,63 | 3498 | 666,79 | 571,85 | 771,80 | 7832 | 219,49 | 179,54 | 258,07 | 5305 |
| | 4 | 202102,43 | 183636,96 | 220861,58 | 2373 | 806,86 | 685,31 | 941,08 | 3399 | 313,79 | 271,92 | 359,74 | 4036 |
| | 5 | 216557,11 | 196767,09 | 238212,49 | 7489 | 899,07 | 761,88 | 1038,09 | 12580 | 343,53 | 295,08 | 392,83 | 10347 |
| | 6 | 251398,87 | 212518,94 | 293426,65 | 958 | 1106,32 | 882,02 | 1349,77 | 2149 | 415,01 | 319,48 | 512,80 | 1340 |
| $\sigma_r^2$ | 1 | 124320,92 | 103300,00 | 145200,00 | 620 | 400,59 | 288,50 | 517,60 | 2168 | 131,52 | 85,83 | 176,50 | 1403 |
| | 2 | 124320,92 | 103300,00 | 145200,00 | 620 | 400,59 | 288,50 | 517,60 | 2168 | 131,52 | 85,83 | 176,50 | 1403 |
| | 3 | 124320,92 | 103300,00 | 145200,00 | 620 | 400,59 | 288,50 | 517,60 | 2168 | 131,52 | 85,83 | 176,50 | 1403 |
| | 4 | 138975,53 | 112900,00 | 164100,00 | 5379 | 453,05 | 272,50 | 644,40 | 8583 | 199,70 | 136,50 | 263,40 | 8354 |
| | 5 | 138975,53 | 112900,00 | 164100,00 | 5379 | 453,05 | 272,50 | 644,40 | 8583 | 199,70 | 136,50 | 263,40 | 8354 |
| | 6 | 138975,53 | 112900,00 | 164100,00 | 5379 | 453,05 | 272,50 | 644,40 | 8583 | 199,70 | 136,50 | 263,40 | 8354 |
| $h^2$ | 1 | 0,22 | 0,08 | 0,41 | 339 | 0,24 | 0,06 | 0,47 | 692 | 0,29 | 0,03 | 0,55 | 611 |
| | 2 | 0,26 | 0,13 | 0,38 | 550 | 0,35 | 0,16 | 0,53 | 1341 | 0,36 | 0,13 | 0,57 | 1135 |
| | 3 | 0,29 | 0,17 | 0,41 | 648 | 0,39 | 0,21 | 0,57 | 1913 | 0,39 | 0,19 | 0,60 | 1567 |
| | 4 | 0,31 | 0,20 | 0,43 | 3506 | 0,43 | 0,22 | 0,63 | 7409 | 0,36 | 0,18 | 0,54 | 7067 |
| | 5 | 0,36 | 0,22 | 0,48 | 4323 | 0,49 | 0,28 | 0,69 | 7299 | 0,41 | 0,23 | 0,61 | 7007 |
| | 6 | 0,44 | 0,28 | 0,58 | 2537 | 0,58 | 0,36 | 0,77 | 3834 | 0,50 | 0,28 | 0,70 | 3679 |

[a] Limite de alta densidade Inferior
[b] Limite de alta densidade Superior
[c] Tamanho de amostra efetiva

Neste estudo, a contribuição das estimativas de variâncias fenotípicas e residuais apresentaram tendências similares às variâncias genéticas aditivas, observando-

se um incremento acentuado da variância fenotípica em função dos ED. Na medida em que as condições ambientais foram mais favoráveis, a contribuição da variância genética aditiva sobre a variabilidade total foi aumentando, evidenciando-se considerável influência das condições ambientais sobre a performance dos animais (Tabela 2.3). Uma possível explicação, poderia estar associada ao fato que em ambientes menos favoráveis, os animais com altas e baixas produções tiveram uma performance semelhante, em função do maior nível de restrição ambiental, e consequentemente a variabilidade genética foi inferior. Já no caso dos ambientes mais favoráveis os indivíduos mais produtivos tiveram maior oportunidade de expressar o seu potencial genético (Tabela 2.3). Desta forma, a seleção de animais, sem considerar à heterogeneidade de variâncias em função dos descritores ambientais, poderia favorecer à aqueles pertencentes a rebanhos de alta variância fenotípica, em detrimento aos de menor variabilidade (CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; HAMMAMI et al., 2009; MOITA et al., 2010).

Tabela 2.5 – Distribuições de densidade posteriori das correlações genéticas, limite de alta densidade inferior(LAI) e superior(LAS) e tamanho de amostra efetiva(TAE) da produção de leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) em função dos descritores ambientais (ED).

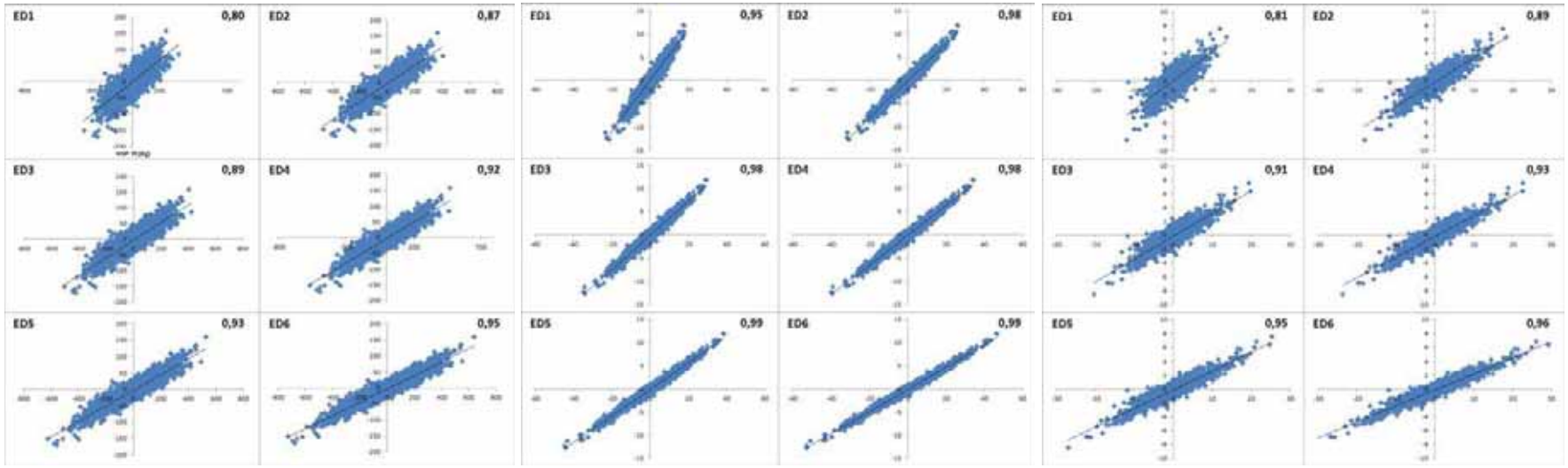
| ED | Média | LAI | LAS | TAE | Média | LAI | LAS | TAE | Média | LAI | LAS | TAE |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | PL270 | | | PG270 | | | PP270 | | |
| 1-2 | 0,92 | 0,83 | 1,00 | 59 | 0,96 | 0,87 | 1,00 | 384 | 0,92 | 0,75 | 1,00 | 772 |
| 1-3 | 0,88 | 0,73 | 1,00 | 78 | 0,94 | 0,81 | 1,00 | 370 | 0,87 | 0,62 | 1,00 | 694 |
| 1-4 | 0,81 | 0,55 | 1,00 | 135 | 0,91 | 0,71 | 1,00 | 344 | 0,80 | 0,43 | 1,00 | 536 |
| 1-5 | 0,76 | 0,41 | 1,00 | 175 | 0,89 | 0,63 | 1,00 | 329 | 0,74 | 0,30 | 1,00 | 473 |
| 1-6 | 0,67 | 0,21 | 1,00 | 200 | 0,85 | 0,52 | 1,00 | 308 | 0,66 | 0,13 | 1,00 | 405 |
| 2-3 | 1,00 | 0,98 | 1,00 | 550 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 791 | 0,99 | 0,98 | 1,00 | 772 |
| 2-4 | 0,97 | 0,91 | 1,00 | 379 | 0,99 | 0,96 | 1,00 | 365 | 0,97 | 0,91 | 1,00 | 554 |
| 2-5 | 0,94 | 0,83 | 1,00 | 357 | 0,98 | 0,92 | 1,00 | 353 | 0,94 | 0,83 | 1,00 | 529 |
| 2-6 | 0,88 | 0,68 | 1,00 | 318 | 0,96 | 0,85 | 1,00 | 344 | 0,89 | 0,69 | 1,00 | 551 |
| 3-4 | 0,99 | 0,97 | 1,00 | 384 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 590 | 0,99 | 0,97 | 1,00 | 574 |
| 3-5 | 0,97 | 0,91 | 1,00 | 353 | 0,99 | 0,96 | 1,00 | 371 | 0,97 | 0,92 | 1,00 | 616 |
| 3-6 | 0,93 | 0,80 | 1,00 | 322 | 0,98 | 0,91 | 1,00 | 420 | 0,93 | 0,81 | 1,00 | 565 |
| 4-5 | 1,00 | 0,98 | 1,00 | 468 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 1014 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 874 |
| 4-6 | 0,97 | 0,92 | 1,00 | 325 | 0,99 | 0,97 | 1,00 | 494 | 0,97 | 0,92 | 1,00 | 587 |
| 5-6 | 0,99 | 0,97 | 1,00 | 346 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 689 | 0,99 | 0,97 | 1,00 | 579 |

As estimativas de correlação genética(CG) foram menores entre ambientes diferenciados produtivamente, evidenciando efeito significativo de IGA para a PL270 e PP270, entanto para PG270, não foi verificado efeito de IGA (Tabela 2.5). As menores

CG entre ambientes indicaram que diferentes genes estariam envolvidos sobre as alterações das funções fisiológicas, sugerindo que a seleção de indivíduos de rebanhos com alta produção, poderiam não corresponder a outros níveis de produção. Uma possível explicação da variação da expressão fenotípica dos caracteres de interesse, poderia ser devida as associações entre genótipos e ambientes que são dependentes de efeitos próprios da população e do carácter estudado (CALUS; BIJMA; VEERKAMP, 2004; HAMMAMI et al., 2009; SARWAR et al., 2009; DEKLEVA et al., 2012). Alem do mais, o efeito da IGA, poderia levar em consideração dinâmicas biológicas que são de alta complexidade, e que são de difícil quantificação, como acontece no caso da regulação da ingestão do alimento, rotas metabólicas, efeitos de epistasias ou de arquiteturas genéticas, e que influenciam de forma considerável sobre a sensibilidade ou plasticidade dos genótipos (MOCZEK et al., 2011; PAVLICEV; WAGNER, 2012).

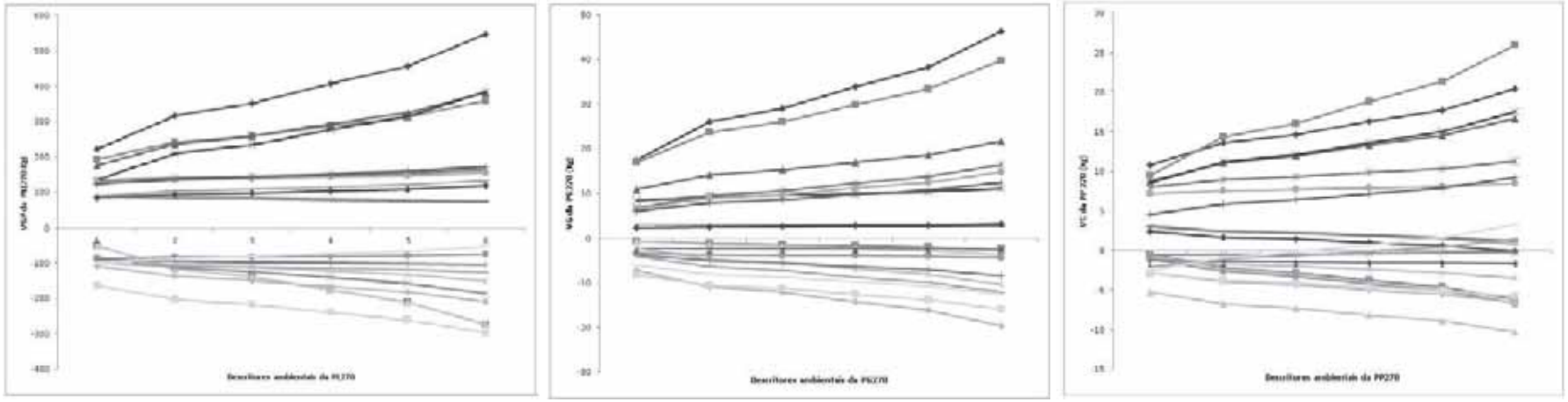
As estimativas das correlações dos valores genéticos(VG) entre o coeficiente de regressão linear(LI) e o nível de produção das características estudas variaram entre 0,80 e 0,99, evidenciando que o ângulo de inclinação foi maior conforme os ambientes foram mais discrepantes, confirmando a sensibilidade dos genótipos em função do nível de produção (Figura 2.1). Uma possível explicação pode ser devida aos genótipos dos descendentes dos reprodutores em comum apresentarem ampla variação na resposta fenotípica, e especialmente em ambientes com maior restrição ambiental e nutricional devidos ao clima tropical, e que são próprias dos sistemas de exploração localizados nestas regiões (TONHATI; VASCONCELLOS; ALBUQUERQUE, 2000; HURTADO-LUGO et al., 2011). Estudos em bovinos leiteiros sugeriram que a inclusão do efeito das heterogeneidades de variâncias em modelos animais, permitiram obter estimativas de parâmetros genéticos com maior acurácia, ao ser considerados os efeitos das variâncias residuais dos rebanhos (SHARIATI; SORENSEN, 2008). Alem disso, as pesquisas sugeriram que dependendo da intensidade dos efeitos ambientais e de manejo, os criadores devem selecionar os genótipos dentro de condições ambientais similares onde os animais são candidatos destinados a produzir (HAMMAMI et al., 2009). No entanto, isto se torna difícil devido à falta de acurácia para avaliar o ambiente de cria, e a correlação entre o ambiente de cria e o ambiente de seleção; o que poderia levar a seleção artificial, na qual possa influenciar sobre os aspectos biológicos da robustez ou plasticidade fenotípica dos indivíduos (DEWITT; SIH; WILSON, 1998; PAVLICEV; WAGNER, 2012).

Na construção das normas de reação(NRA) foram usados os valores genéticos preditos(VGP) dos reprodutores em comum(conectabilidade) em função de cada nível de produção para leite(PL270), gordura(PG270) e proteína(PP270) (Figura 2.2). Neste estudo, as NR demostraram que os genótipos apresentaram performance di-




(a) (b) (c)

Figura 2.1 – Distribuições de densidade a posteriori das correlações dos valores genéticos preditos do coeficiente de regressão linear em função do nível de produção de leite(PL270) (a), gordura(PG270) (b) e proteína(PP270) (c) do modelo de norma de reação com duas classes de heterogeneidade de variância residual(6_res_2).



(a) (b) (c)

Figura 2.2 – Normas de reação de 20 reprodutores(10 maiores e 10 menores valores genéticos) em comum, expressas pelo valor genético (em Kg) para a produção de leite(PL270) (a), gordura(PG270) (b) e proteína(PP270) (c) em função dos descritores ambientais.

ferenciada, portanto, pode-se afirmar que seria necessário considerar a sensibilidade dos genótipos no momento do intercâmbio de material genético em função do nível produtivo dos rebanhos em regiões tropicais. Em Bovinos leiteiros, a seleção em condições favoráveis de criação poderiam aumentar a sensibilidade ambiental dos rebanhos, sendo que animais com maiores VGP, apresentaram maior sensibilidade às mudanças do ambiente (KOLMODIN et al., 2002; CALUS; VEERKAMP, 2003; BRYANT et al., 2007). Além do mais, deve ser considerado que os genes que atuam em ambientes discriminados produtivamente, possam levar à expressão fenotípica dos genótipos diferenciada, e como consequência possa evidenciar alteração no ordenamento(reclassificação) dos reprodutores em função do ambiente (CALUS; VEERKAMP, 2003; HAMMAMI et al., 2009; CARDOSO; TEMPELMAN, 2012).

O coeficiente de correlação de Pearson(baseados nos VGP) variou entre 0,79 e 1,00($P<0,0001$), e evidenciou alteração de posto dos reprodutores para a PP270, conforme os níveis de produção foram mais diferenciados produtivamente. Isto não foi confirmado para a PL270 e PG270. Uma possível explicação pode estar associada aos programas de seleção em búfalos em regiões tropicais recentes quando comparados com bovinos leiteiros especializados. Como consequência, a disponibilidade de registros zootécnicos, poderiam limitar a inferência sobre potenciais genótipos que suportem ambientes extremos dentro dos rebanho analisados. No entanto, como primeiro estudo sobre IGA, que envolvam normas de reação em bubalinos, poderia servir como referencia a seleção de genótipos mais estáveis em funçao das condições ambientais das regiões tropicais. Em adição, em bovinos leiteiros, a alteração na reclassificação dos reprodutores variou entre 0,19 e 0,83, sendo que este efeito poderia levar a super ou subestimação da expectativa da resposta fenotípica dos descendentes em função dos rebanhos ou ambientes considerados (RORATO et al., 2000; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003). (KOLMODIN et al., 2002; KOLMODIN et al., 2004; HAMMAMI et al., 2009) sugeriram que rebanhos com baixo nível produtivo, poderiam beneficiar-se com a reclassificação de reprodutores de acordo a intensidade dos fatores ambientais e o nível de produção no qual fossem utilizados.

## 2.5 CONCLUSÕES

As estimações das variâncias genéticas apresentaram correlações baixas, mostrando variação genética para as características estudadas em função do nível da produção de leite aos 270 dias da lactação. Indicando há presença de interação genótipo ambiente com alteração de posto dos reprodutores em comum para a produção de leite e proteína, não sendo evidenciada para a produção de gordura.

A amplitude dos componentes de variância, correlação genética e herdabilidades sugere que a seleção de indivíduos seja cuidadosa devido a sensibilidade ambiental dos genótipos. Consequentemente, na seleção de reprodutores, será necessário levar em conta a heterogeneidade de variância residual, e distribuição dos genótipos em função dos ambientes produtivos.

# CAPÍTULO 3 - PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE LEITE NO DIA DO CONTROLE EM AMBIENTES COM CURVA DE LACTAÇÃO DE ALTA E BAIXA PRODUÇÃO EM BÚFALOS LEITEIROS

## 3.1 RESUMO

Foi estudado o efeito da interação genótipo ambiente(IGA) para a produção de leite no dia do controle(PLDC) por meio de análises bicaracterísticas, via regressão aleatória(RRM) em modelos animais mediante inferência Bayesiana. A formação dos gradientes ambientais de alta e baixa produção, foram realizados em função dos desvios da produção de leite aos 270 dias de lactação(PL270). Na análise dos RRM, os componentes de variâncias regrediram sobre a média da P270 ajustada para cada classe dos descritores ambientais (DE). Foram considerados como efeitos fixos o grupo contemporâneo da PLDC, o número de ordenhas e como covariável a idade da vaca ao parto (trajetória fixa de ordem cúbica). A curva média de lactação da população foi modelada por meio de um polinômio ortogonal de Legendre (POL) de quarta ordem. Foram incluídos os efeitos aleatórios genéticos aditivos, de ambiente permanente e o resíduo. Para as regressões aleatórias genético-aditiva e ambiente permanente foram considerados POL de terceira e quarta ordem, respectivamente. A variância residual foi modelada considerando a estrutura heterogênea agrupando-se em 4 classes: 1, 2-3, 4-8, 9. Os valores das médias dos CV e, herdabilidades estimadas para a PLDC, tenderam a ser mais elevadas nos extremos da curva em níveis de baixa produção e em níveis de alta foram crescentes. No caso dos ambientes de alta e baixa produção as estimativas de herdabilidades variaram de 0,40 até 0,69 e 0,18 até 0,38, respectivamente. As estimativas de correlação genética(CG) variaram desde 0,08 até 0,95, e evidenciaram efeito significativo de IGA, especialmente entre os PLDC mais distantes. Como conclusão foi confirmada a presença da IGA para as produções de leite no dia do controle em função dos níveis de produção de leite aos 270 dias de lactação. Desta forma, sugere-se que ao realizar a seleção de reprodutores de forma conjunta é necessário levar em conta o nível de produção das fazendas e a heterogeneidade de variância residual nos rebanhos do Brasil.

**Palavras Chave:** adaptação, função de covariância, sensibilidade ambiental.

## 3.2 INTRODUÇÃO

A pecuária bubalina tem se tornado uma alternativa interessante para os países em desenvolvimento. A produção de leite(PL) apresenta alta demanda comercial nos mercados internacionais devido à qualidade composicional e físico química de seus constituintes (TONHATI et al., 2011; BORQUIS et al., 2013). A qualidade nutricional e valor biológico do seus derivados lácteos, tem tornado alimento estratégico na segurança alimentar em regiões de difícil produção de alimentos.

Na procura pelo aumento da produção e da qualidade da PL, os criadores vem trabalhando no desenvolvimento de programas de melhoramento genético para a correta identificação e seleção de reprodutores para diminuição de fatores ambientais e incremento do lucro econômico dos rebanhos (TONHATI et al., 2004; SENO et al., 2012). Embora, os criadores apresentem adoção de diversas tecnologias para diminuir o efeito ambiental imposta pelas condições subtropicais (TONHATI; VASCONCELLOS; ALBUQUERQUE, 2000; MOITA et al., 2010; HURTADO-LUGO et al., 2011), estas apresentam consideráveis influencias sobre o nível de produção dos rebanhos, que podem causar reclassificação dos reprodutores nos diferentes ambientes (JONG; BIJMA, 2002; KOLMODIN et al., 2002; CALUS; VEERKAMP, 2003).

O uso dos modelos de regressão aleatória (RRM) para contornar as influências ambientais e de manejo, tem demostrado ser exitosamente aplicados na produção de leite no dia do controle (PLDC), como alternativas nas avaliações genéticas para características longitudinais em bovinos (SANTOS et al., 2013; STREIT et al., 2012) e bubalinos leiteiros (ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010c; BREDA et al., 2010; BORQUIS et al., 2013). Por outro lado, os modelos de norma de reação(NR) combinados com os RRM permitiram avaliar sistematicamente a regressão dos valores genéticos (VG) dos touros sobre os níveis de produção onde sua progênie é criada como uma função linear, permitindo estudar a sensibilidade ambiental ao longo da curva da lactação (CARDOSO; TEMPELMAN, 2012; STREIT et al., 2012). Entretanto, a influencia do efeito genético e ambiental sobre a produtividade de rebanhos bubalinos em função dos gradientes ambientais(ED) ao longo da curva ainda não foram descritos. (MOITA et al., 2010) sugerem desempenho favorável a animais pertencentes a rebanhos de alta variância fenotípica, em detrimento aos de menor variabilidade para a produção de leite. De acordo com estes autores os resultados mas acurados podem ser obtidos pela estratificação e, classes de alto e baixo desvio-padrão fenotípico, permitindo corrigir os efeitos da heterogeneidade de variância residual(HVr). O que se refere a bovinos leiteiros, alguns estudos tem sido realizados para avaliar a resposta fenotípica, dos animais em função da estratificação dos ambientes de produção, levando

em consideração o efeito da HVr (HAMMAMI et al., 2009; SHARIATI; SORENSEN, 2008; STREIT et al., 2012). Tendo em vista a importância da seleção de genótipos adaptados às variações gradativas do ambiente, o objetivo deste estudo foi determinar o efeito da interação genótipo ambiente em curvas de lactação com alto e baixo nível de produção em búfalos leiteiros.

## 3.3 MATERIAIS E MÉTODOS

### 3.3.1 Descrição dos dados

Os dados utilizados foram procedentes do programa de controle leiteiro da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/Unesp-Campus de Jaboticabal (São Paulo, Brasil) entre os anos de 1995 e 2011. Foram analisadas as produções de leite no dia do controle (PLDC) de búfalas de primeiro parto com idades entre 24 e 52 meses. Na análise de consistência dos dados, foram desconsiderados registros de animais com identificação duplicada ou duvidosa, sem data de nascimento, sem registro de produção e sem data de partos(tabela 3.1).

Tabela 3.1 – Número de observações (Nº), Média e Desvio padrão (DP), Coeficiente de variação (CV) da produção de leite no dia do controle (PLDC) em ambientes com curva de lactação de alta e baixa produção.

| PLDC | Nº | Med e DP | CV(%) | Nº | Med e DP | CV(%) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | Alto Nível | | | Baixo Nível | |
| 1 | 493 | 7,08±2,05 | 28,90 | 324 | 5,76±1,89 | 32,73 |
| 2 | 550 | 8,12±2,09 | 25,76 | 349 | 6,46±1,94 | 30,03 |
| 3 | 548 | 7,97±2,06 | 25,80 | 343 | 6,31±1,93 | 30,60 |
| 4 | 553 | 7,66±1,99 | 25,98 | 348 | 5,99±1,96 | 32,79 |
| 5 | 541 | 7,19±1,99 | 27,60 | 331 | 5,35±1,84 | 34,46 |
| 6 | 518 | 6,56±1,89 | 28,73 | 293 | 4,99±1,82 | 36,47 |
| 7 | 500 | 5,91±1,82 | 30,71 | 272 | 4,41±1,72 | 38,95 |
| 8 | 445 | 5,44±1,82 | 33,52 | 201 | 4,03±1,47 | 36,46 |
| 9 | 266 | 4,90±1,63 | 33,34 | 104 | 3,77±1,46 | 38,75 |

Foram considerados controles realizados entre o 5º e 270º dias da lactação. As pesagens de leite foram agrupadas em 9 classes (PLDC1-PLDC9), cada uma com intervalo de 30 dias. Foram excluídas das análises lactações com menos de três controles e com o primeiro controle mensurado após os primeiros 45 dias de lactação, além de produções de leite superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrão dentro do

grupo de contemporâneos da PLDC(GCPLDC). Os GCPLDC foram definidos como rebanho, ano e mês de controle, aplicando-se a restrição de que cada grupo deveria conter, no mínimo, três animais. Após a consistência dos dados, as estatísticas descritivas das curvas de lactação nos ambientes de alta e baixa produção, restaram 4,414 e 2,565 controles de 595 e 382 animais, respectivamente (tabela 3.1). Em todas as análises foi utilizado arquivo de pedigree contendo 10,088 animais na matriz de parentesco.

### 3.3.2 Formação dos descritores ambientais

A formação das curvas de lactação em ambientes de alta e baixa produção foram realizados em função dos desvios-padrão da produção de leite aos 270 dias de lactação (PL270). Na análise de consistência dos dados da PL270 foram desconsideradas lactações inferiores a 90 dias. Os grupos contemporâneo da PL270 (GCPL270) foram definidos como rebanho, ano e estação de parto. A estação de parto foi constituída pelos meses de outubro a março (estação das águas) e abril a setembro (estação seca). Foi aplicada a restrição de eliminar GCPL270, com menos de três observações. Na definição dos touros de conexão foram considerados aqueles que tinham mais de cinco filhas. Foram eliminados touros com apenas um filho. Alem disso, eliminou-se GCPL270 com menos de três indivíduos ou sem touros de conexão em ambos ambientes.

### 3.3.3 Metodologia estatística

As análises foram realizadas empregando um modelo bi-característico de regressão aleatória(controles de produção de leite em cada nível de produção). Sendo que estas foram baseados em estudos de modelos uni-característicos descritos em búfalos leiteiros (ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2012). Na análise bi-característica, os componentes de variância foram regredidos sobre a média da PL270 ajustada para cada classe dos ED. Foram considerados como efeitos fixos o GCPLDC, o número de ordenhas (1 ou 2 ordenhas diárias), os efeitos linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto e a curva média de lactação da população modelada utilizando-se um polinômio ortogonal de Legendre (POL) de quarta ordem; e como aleatórios os efeitos genéticos aditivos, de ambiente permanente e residual. No que se refere à modelagem dos efeitos aleatórios, utilizou-se em todas as características, POL de terceira e quarta ordem para os efeitos genético e de ambiente permanente, respectivamente. As variâncias residuais foram modeladas considerando-se. A variância residual foi modelada considerando-se a estrutura heterogênea agrupando-se em 4 classes: 1, 2-3, 4-8, 9 meses de lactação.

A estimação dos componentes de covariância foram obtidos via regressão aleatória em modelos animais por inferência Bayesiana, empregando o programa Gibbs3f90 (MISZTAL, 2013), no qual se encontra aplicado o amostrador de Gibbs. Em notação matricial o modelo completo da regressão aleatória pode ser assim apresentado:

$$Y = X\beta + Za + Wp + e \tag{3.1}$$

em que: y é o vetor de observações (PLDC) e $\beta$, $a$, $p$ e $e$ são nesta ordem vetores dos efeitos fixos, dos coeficientes genéticos aditivos, de ambiente permanente e resíduo; X, Z e W, são respectivamente as matrizes de incidência referentes a $\beta$, $a$ e $p$. Foram consideradas distribuições a *priori* uniformes para os efeitos fixos, gaussianas para os coeficientes genéticos e de ambiente permanente e Wishart invertidas para os CV:

$$\begin{gathered}
\beta \infty \text{ constante} \\
a \mid k_a \sim N\Big[0, (k_a \otimes A)\Big] \\
p \mid k_p \sim N\Big[0, (k_p \otimes AI)\Big] \\
k_a \mid S_a, v_a \sim IW\Big[S_a v_a, v_a\Big] \\
k_p \mid S_p, v_p \sim IW\Big[S_p v_p, v_p\Big]
\end{gathered}$$

em que: $k_a$ e $k_p$ são as matrizes de co variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos e de ambiente permanente do animal, respectivamente; $\boldsymbol{A}$ é a matriz de parentesco aditivo, e $\boldsymbol{I}$ uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais com dados; $S_a$,$v_a$,$S_p$ e $v_p$ são os valores da *a priori* e graus de liberdade dos efeitos aditivos genéticos e permanentes, respectivamente. Para a $i$-ésima classe da variância residual, consideradas paras as análises bi-características, e sendo amostradas das distribuições Chi-Quadrado e Wishart escalonada invertida, respectivamente:

$$\sigma^2_{e-i} \mid S, v \sim X^2(S, v)$$

em que: $s$ e $v$ são os valores *a priori* e graus de liberdade para a matriz da (co)variâncias residual na $i$-ésima classe nas analises bi-características.

Foi estabelecida um comprimento de 1.700.000 cadeias, com descarte inicial de 200.000, e coleta de amostras a cada 100 cadeias, totalizando 15.000 dados de amostragens para análises posteriores. Por meio das distribuições posteriores de cada parâmetro foram obtidas as estimativas de variâncias e herdabilidades para cada controle, e das correlações genéticas (CG) dentro e entre cada nível de produção, entre eles foram obtidos por funções de co-variâncias estimadas em cada ciclo. Para cada

parâmetro, a distribuição posterior foi obtida pelo teste pelo teste de Z-score proposto por (GEWEKE et al., 1991). Um período de burn-in foi determinado para cada parâmetros utilizando-se as amostras obtidas com o software Gibbs3f90. Com posterior eliminação deste período, para a descrição da distribuição a posteriori, a média foi utilizado como um estimativa pontual e o intervalo de alta densidade posterior(95%) como uma medida da dispersão (figuras 3.1- 3.5).

## 3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi verificado que o período de burn-in e o número de amostras restantes (2.000-15.000) foram suficientes para descrever a distribuição de densidade posterior dos parâmetros analisados. Descreve-se também, uma alta dependência entre as amostras, o que ocasionou numero variado de amostras efetivas. No entanto, o tamanho de amostra efetiva (TAE), demostraram ser suficiente para explicar os parâmetros analisados (figuras 3.1 - 3.5). Com relação à confiabilidade das estimativas (testadas pelos intervalos de alta densidade) apresentaram ampla variação, especialmente evidenciado nos extremos da curva da lactação. Possivelmente em virtude da quantidade de informações disponíveis para a análise e do parâmetro em questão.

As análises com POL de terceiro grau para o parâmetro do intercepto do componente genético aditivo, evidenciaram amplitude significativa das estimativas (verificada pelos limites de alta densidade) e variação no formato da concavidade das curvas de lactação em função dos níveis produção (figura 3.1). Evidenciando-se diferencia na base genética ou potencial genéticos medido como coeficiente angular entre as curvas de lactação dos níveis de alta e baixa produção. Para os parâmetros linear e quadrático não foram evidenciadas diferenças significativas (figura 3.1). Consequentemente, espera-se que não exista diferencia no pico(linear) e persistência(quadrático) dos animais em função dos níveis da PL270.

As análises com POL de quarto grau para os parâmetros do componente de ambiente permanente, evidenciaram variação no formato da concavidade e amplitude não significativa das estimativas (figura 3.2). Neste sentido os coeficientes dos POL, aumentaram sua variação conforme aumento a ordem, o que poderia indicar que as diferencias ocorridas entre controles poderiam afetaram de forma permanente a capacidade produtiva dos controles posteriores. (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003) sugeriram que para curvas de lactação, polinômios de pequena ordem para a variância genética aditiva e uma maior para o ambiente permanente poderia ser mais adequado devido a facilidade da interpretação biológica.

As classes das variâncias residuais foram homogêneas até o pico da lactação

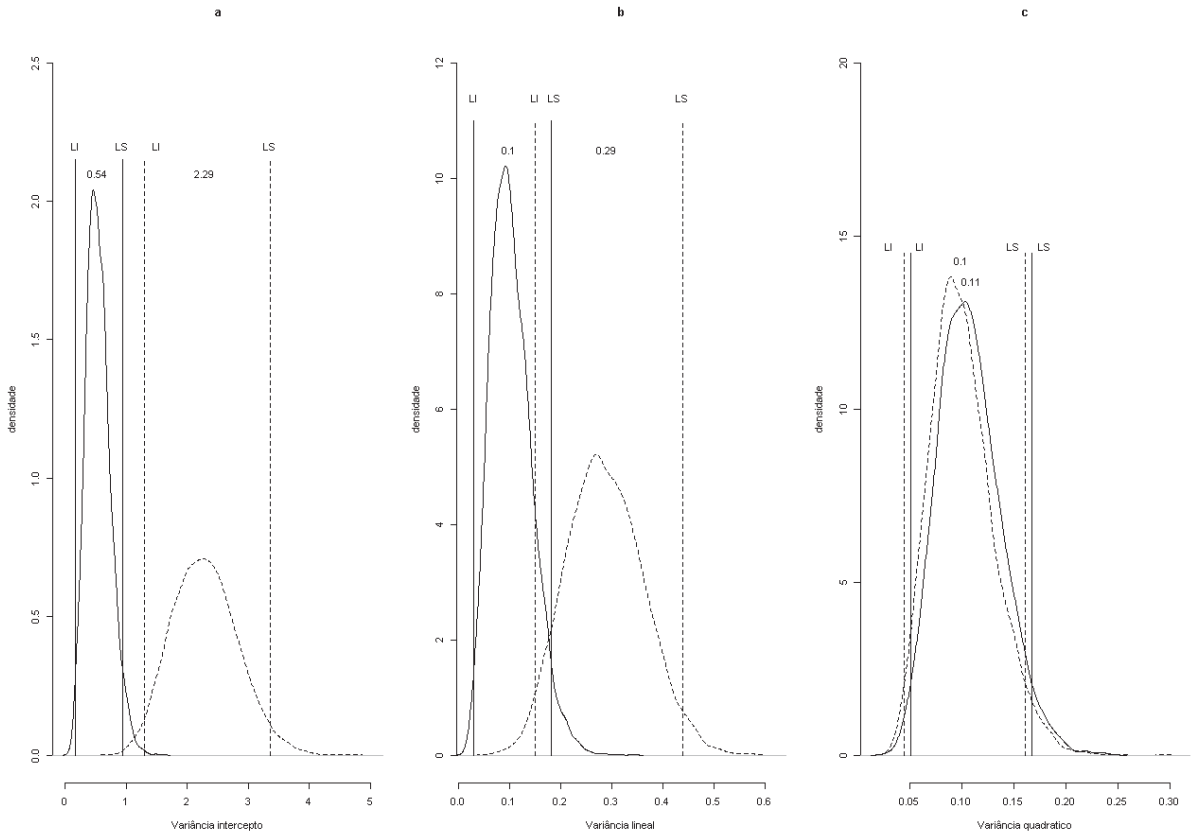



Figura 3.1 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores do parâmetro intercepto(a), linear(b) e quadrático(c) do componente genético aditivo da curva da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270.

em ambos níveis de produção. Após este período e até o ultimo mês de controle, foi evidenciada variação no formato da concavidade e amplitude significativa das classes residuais das curvas de lactação (figura 3.3).

Em bovinos leiteiros, as classes de variâncias residuais sem considerar níveis de produção, podem ser assumidas como homogêneas no intervalo entre 70 e 270 dias da lactação para as primeiras lactações (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003). No entanto, neste estudo quando foi considerado o nível de produção da PL270, para o agrupamento das curvas da lactação, foi observado que entre os 120 e 240 dias, houve evidencia de heterogeneidade das variâncias residuais (figura 3.3). Este fato poderia indicar que alterações significativas que ocorrem na produtividade ao longo da curva de lactação, em função do nível de produção, são principalmente devidos a fatos fisiológicos, e que poderiam, ser dependentes das práticas e estratégias de manejo pré e pós-parto e do período de secagem. Em bovinos leiteiros, se-adotam estratégias gerais de manejo, no entanto e depende da diversidade climatológica dos sistemas

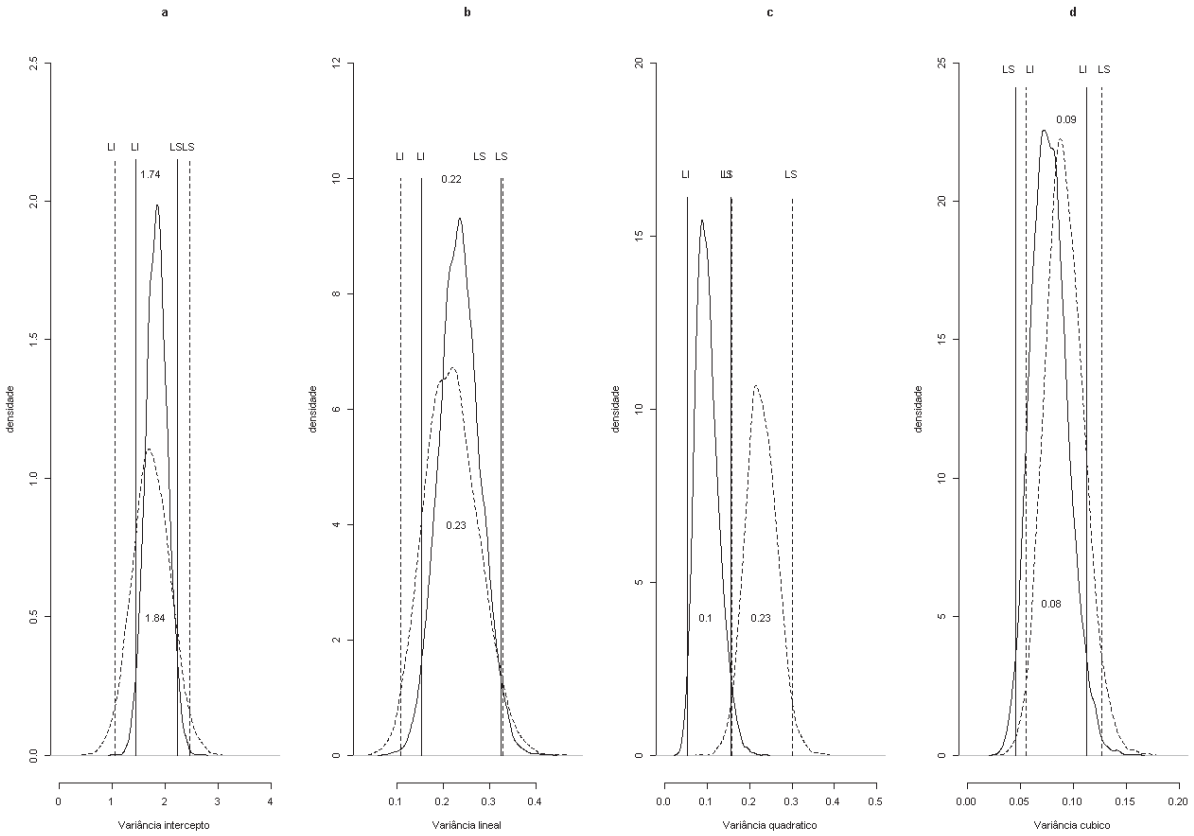



Figura 3.2 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores do parâmetro intercepto(a), linear(b), quadrático(c) e cubico(d) do componente genético permanente da curva da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270.

agroambientais, estas práticas poderiam não corresponder a um determinado nível de produção em rebanhos localizados em regiões tropicais (HAILE-MARIAM; CARRICK; GODDARD, 2008; BURROW, 2012; COLETTA; ZICARELLI et al., 2013).

As distribuições das funções de densidade posteriori das estimativas de variância genética aditiva, ambiente permanente e herdabilidades mostraram-se heterogêneas em função dos níveis de produção (figura 3.4). Neste estudo, as estimativas de variâncias genéticas, apresentaram comportamento diferenciado ao longo da curva de lactação entre níveis de produção. Observou-se que as PLDC, no ambiente de alta produção de leite, apresentaram os maiores valores e diminuíram conforme aumentaram os dias em lactação. No caso do ambiente de baixa produção, as maiores PLDC foram observadas no extremos da curva da lactação (figura 3.4). Dentro deste contexto, as variações nos extremos da curva da lactação, podem ocorrer porque o início e final da lactação encontram-se influenciados por fatores de difícil quantificação e que poderiam não estar inclusos no modelo quando comparado com os fato-

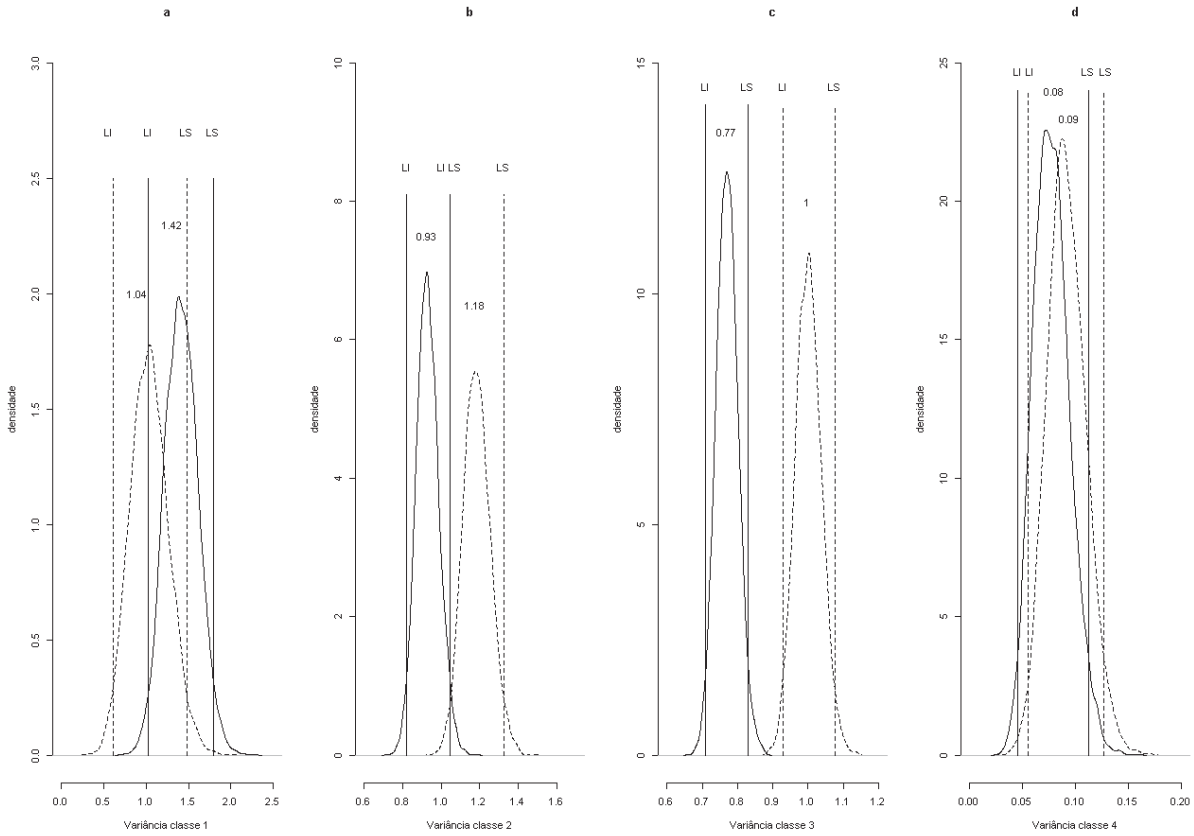



Figura 3.3 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores das classes residuais agrupados pelo 1(a), 2-3(b), 4-8(c) e 9(d) meses de lactação da produção de leite no dia do controle em função dos níveis de alta(linha pontilhada) e baixa(linha continua) produção da PL270.

res que influenciam na metade da lactação (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003; LÓPEZ-ROMERO; REKAYA; CARABANO, 2004; BOHMANOVA et al., 2008). Em bovinos leiteiros, no caso dos níveis de baixa produção, foram observadas tendências similares para as estimativas de variância genética quando comparado com valores intermediários da lactação (BIGNARDI et al., 2009; SANTOS et al., 2013). No caso das variâncias de ambiente permanente, no nível de baixa produção apresentaram maior heterogeneidade com respeito ao ambiente de alta produção(figura 3.4).

Neste estudo, observou-se comportamento diferenciado entre níveis de produção, sendo que nos níveis de alta produção as médias das estimativas de herdabilidades apresentaram tendência de queda (variando desde 0,22 até 0,45) em função do aumento dos meses em lactação. No caso do ambiente de baixa produção as estimativas de herdabilidades tenderam a ser mais elevadas(variando desde 0,10 até 0,25) nos extremos da curva de lactação (figura 3.4). Neste ultimo ambiente, as búfalas não são estacionalizadas, o que poderia permitir que estas possam chegar com

condição corporal melhor. Valores similares para as herdabilidades para a PLDC em búfalos variaram de 0,16 a 0,44 (ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010a; BORQUIS et al., 2013), entretanto que em bovinos da raça Holstein, variaram de 0,16 a 0,45 (SILVESTRE; PETIM-BATISTA; COLACO, 2005; BIGNARDI et al., 2009), e em bovinos criados em condições tropicais as estimativas de herdabilidades variaram de 0,17 a 0,53 (HERRERA et al., 2008; PEREIRA et al., 2013; SANTOS et al., 2013).

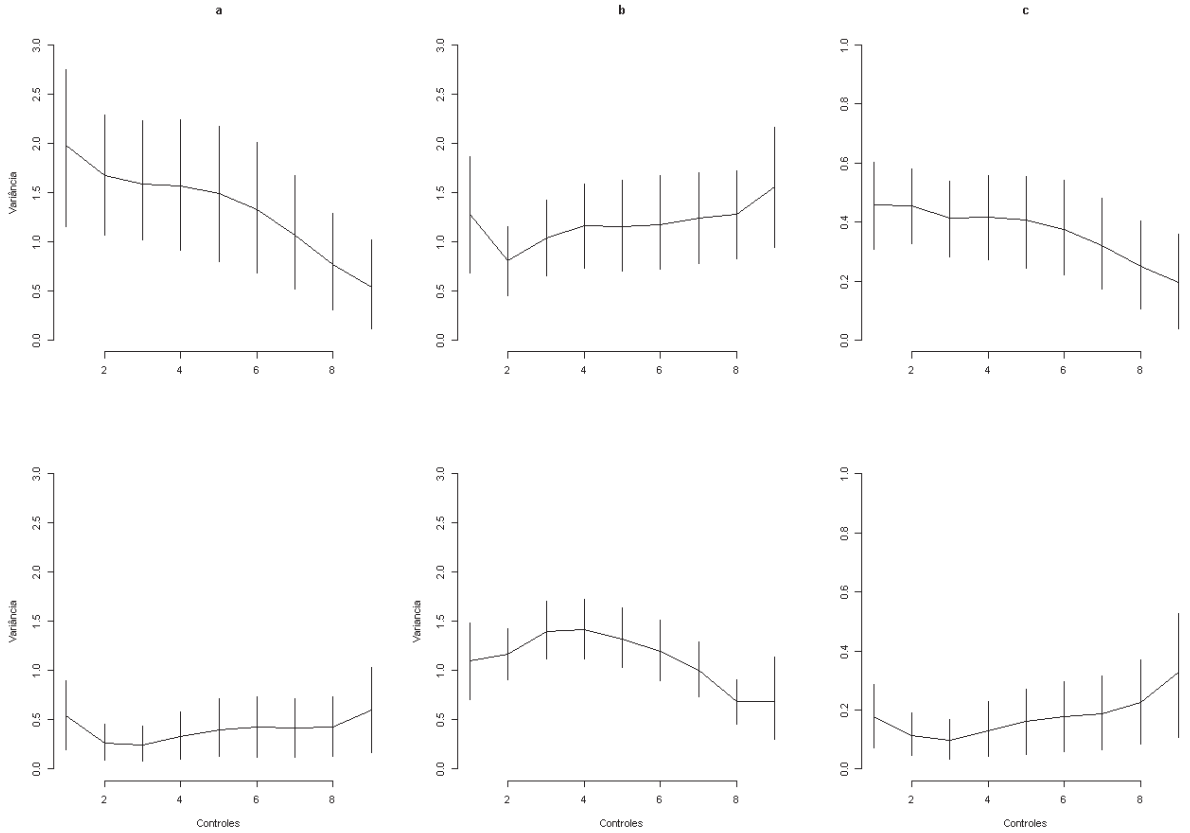



Figura 3.4 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior e superior das distribuições posteriores da variância genética aditiva(a), de ambiente permanente(b) e herdabilidade(c) da produção de leite no dia do controle em função dos níveis alta(gráfico superior) e baixa(gráfico inferior) produção da PL270.

Neste estudo observou-se tendências similares para as curvas de lactação de baixa produção, e diferentemente do esperado para os níveis de alta. O que consequentemente, poderia sugerir que a modelação em função do nível de PL270, poderia estar associada a processos estocásticos diferenciados para cada curva. Possivelmente devidos a efeitos ambientais não quantificados, como: período pós-parto (balanço energético negativo), condição corporal e falta de estratégias alimentícias e manejo nestes períodos. Devido ao fato que as bases genéticas para a PLDC das populações nos dois níveis não apresentaram diferenças significativas (figura 3.1).

Em rebanhos bubalinos leiteiros em diversos sistemas ambientais e de manejo, sugeriram que estimativas superiores no extremos da curva, podem ser atribuídos ao fato de terem utilizado controles semanais (SESANA et al., 2010; BREDA et al., 2010). Em bovinos leiteiros, as pesquisas que utilizaram RRM, com POL, evidenciaram valores elevados para as estimativas dos componentes de variância nos extremos da curva (BIGNARDI et al., 2009; SANTOS et al., 2013). Sendo posivel que estimativas elevadas estejam associadas à disponibilidade de registros ou problemas de ajuste do tipo de Polinômio empregado (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003; MEYER, 2005; BOHMANOVA et al., 2008).

As densidades das distribuições das estimativas de correlação genética(CG), entre os níveis de produção (Figura 3.5) mostraram efeito significativo de IGA, conforme o estalecido no valor de significância estabelecido por (ROBERTSON, 1959).

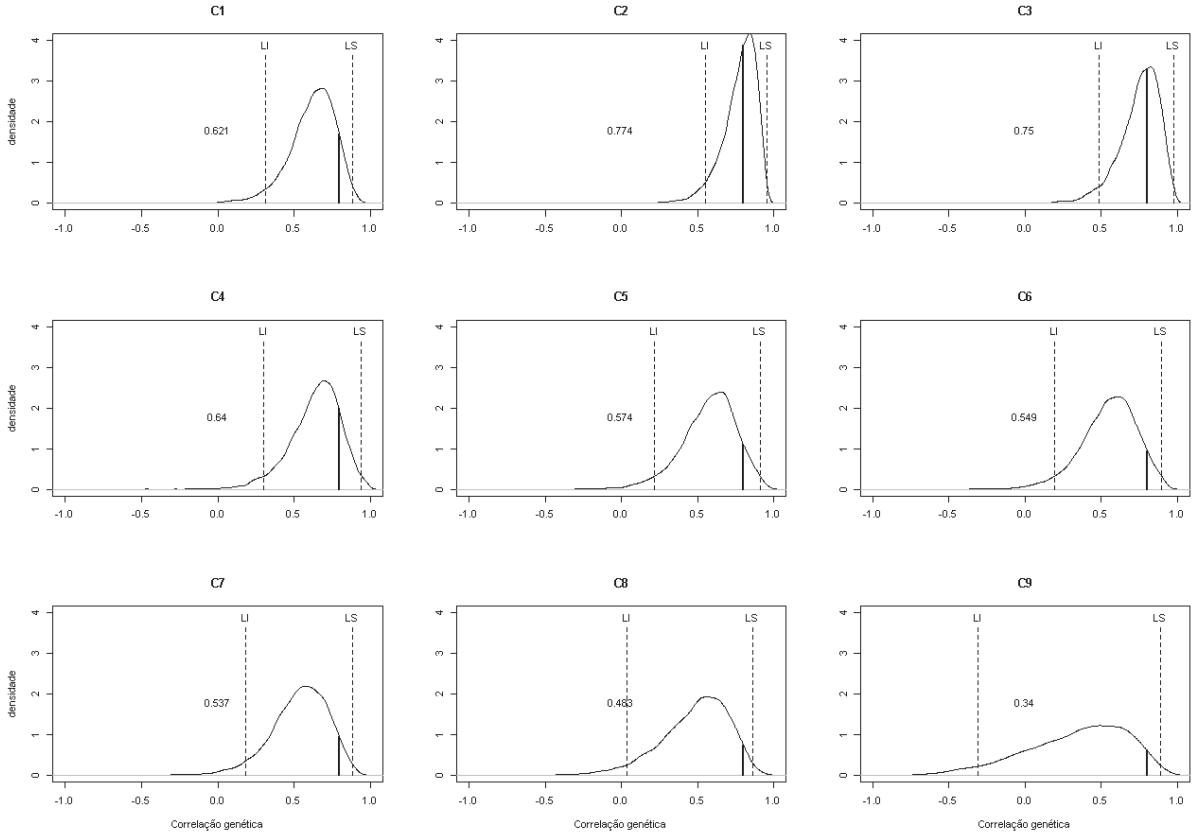



Figura 3.5 – Estimativa de média e 95% do intervalo de alta densidade inferior(LI) e superior(LS) das distribuições posteriores das correlações genéticas entre os correspondentes níveis de produção de leite no dia do controle(C1-C9).

De forma geral, as CG foram positivas e apresentando os maiores valores entre PLDC adjacentes e diminuindo na medida que foram mais distantes. Sendo que

nos níveis de alta e baixa produção as CG variaram de 1,0 ate 0,2 e de 1,0 ate 0,01, respetivamente (figuras 3.5). Em bovinos leiteiros, foram apresentados resultados similares, sendo que as CG variaram entre 0,99 e 0,40 (BREDA et al., 2010; PEREIRA et al., 2013; SANTOS et al., 2013). Neste estudo, as comparações das curvas de CG para os níveis de produção, verificou-se se de forma geral a não diferença genética entre curvas de lactação. Observaram-se que alguns controles em ambientes de alto e baixo nível foram significativos, sugerindo que a seleção nestes controles poderiam não corresponder as expressões fenotípicas entre níveis de produção.

## 3.5 CONCLUSÕES

Os resultados do presente estudo evidenciaram a presença de IGA, demostrando diferencias significativas na produção de leite no dia do controle(PLDC) ao longo da curva de lactação em função do nível de produção de leite aos 270 dias de lactação(270) dos rebanhos. A diferença significativa correspondente as PLDC entre os níveis de PL270, sugere que os indivíduos selecionados em um determinado PLDC, poderia não corresponder em outro nível. O que poderá trazer como consequência, expressão fenotípica diferencia dos descendentes dos reprodutores em comum para ambos níveis de PL270.

## CAPÍTULO 4 - CONSIDERAÇÕES FINAIS

A expansão da pecuária bubalina leiteira na América do Sul, é devida em parte a alta demanda comercial dos produtos derivados lácteos e à qualidade composicional e físico química de seus constituintes. No caso dos rebanhos bubalinos do Brasil e da Colômbia, o interesse produtivo e econômico por parte de entidades governamentais, privadas e dos criadores permitiram registrar informações zootécnicas com o objetivo de avaliar a produtividade dos rebanhos. Mediante a atualização dos livros zootécnicos, monitoramento e ajuste dos programas de controle leiteiro, foi possível consolidar os programas de seleção e melhoramento genético animal nesta especie.

Embora os criatórios apresentem adoção de práticas de registros e implementação de tecnologias para aumentar a resposta fenotípica das características de interesse econômico, a importação de material genético na Colômbia, procedente do Brasil, evidenciou performance fenotípica diferenciada nos ambientes de cria em relação aos ambientes onde foram destinados. Desta forma criou-se a necessidade de estudar os efeitos da interação genótipo ambiente(IGA) nos sistemas de exploração leiteira bubalina.

Neste estudo foi evidenciado efeito significativo da IGA, com reclassificação de posto dos reprodutores em comum. Sugerindo que a expressão fenotípica dos seus descendentes poderá não corresponder aos valores esperados para as características de importância econômica em função dos gradientes ambientais considerados neste estudo. A norma de reação dos genótipos também sugeriu que a sensibilidade fenotípica dos animais deverá ser considerada no momento de realizar a seleção dos futuros reprodutores, especialmente de ambiente e manejo heterogêneo. Quanto aos resultados obtidos neste estudo, as condições heterogêneas dos rebanhos possivelmente poderiam ser explicadas por fatores sócio-econômicos e culturais próprios dos sistemas de criação e exploração. Consequentemente, a presença da IGA entre os rebanhos do Brasil e Colômbia, deve ser tratada como tarefa de alta prioridade por parte de criadores e profissionais nas avaliações genéticas. Sendo que os programas e critérios de seleção nestes países são similares e potencialmente podem servir como caminho de avaliações conjuntas para os rebanhos bubalinos localizados em condições tropicais. No entanto, estes países terão a necessidade de facilitar os processo administrativos entre instituições e políticas nacionais. Permitindo integração de diferentes formas de transferência de tecnologia focadas no aumento da produtividade das cadeias de valor agregado (i.e. Mozarella). Por outro lado, é interessante desenvolver políticas e ferramentas que permitam dar continuidade à solução de fatores limitantes, como a falta de consenso na escrituração zootécnica, problemas de regis-

tro e identificação animal, programas de reprodução, teste de progênie e identificação de potenciais candidatos à seleção.

Para evitar estes tipos de problemas seria pertinente incluir o maior número de informações disponíveis dos candidatos à seleção ou implementar avaliações genéticas conjuntas. Devido à limitação do tamanho dos rebanhos Sul-Americanos, seria interessante fazer com que rebanhos de outros países que compartilhem material genético, como Venezuela e Argentina.

Esta pesquisa pode servir como base para o desenvolvimento dos programas de seleção mais acuradas dos futuros reprodutores em regiões tropicais. Permitindo que a seleção entre genótipo e ambiente em função das disposições dos recursos sócio-econômicos e culturais estariam de acordo com as necessidades dos criadores e governos.

## REFERÊNCIAS

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. < i> short communication</i>: Genetic trends of milk yield under heat stress for us holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, n. 4, p. 1754–1758, 2010.

ARAÚJO, C. V. de.; CARDOSO, A. M. de. C.; RAMOS, A. de. A.; ARAÚJO, S. I.; MARQUES, J. R. F.; TOMAZINI, A. P. I.; CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça murrah, mediante inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 9, n. 3,
2008.

ASPILCUETA-BORQUIS, R.; NETO, F. A.; BALDI, F.; BIGNARDI, A.; ALBUQUERQUE, L.; TONHATI, H. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, n. 5, p. 2195–2201, 2010.

ASPILCUETA-BORQUIS, R.; PALO, R. D.; NETO, F. A.; BALDI, F.; CAMARGO, G. D.; ALBUQUERQUE, L.; ZICARELLI, L.; TONHATI, H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and bayesian inference analysis of their relationships. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 3, p. 1636–1644, 2010.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; BIGNARDI, A. B.; SENO, L. de O.; CAMARGO, G. M. de; MUÑOZ-BERROCAL, M. H.; ALBUQUERQUE, L. G. de; PALO, R. D.; TONHATI, H. Genetic parameters for milk yield analyzed by test-day models in murrah buffaloes in brazil. **Italian Journal of Animal Science**, Bologna, v. 9, n. 2, p. e34, 2010.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; NETO, F. R. A.; BALDI, F.; SANTOS, D. J.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Genetic parameters for test-day yield of milk, fat and protein in buffaloes estimated by random regression models. **Journal of Dairy Research**, Cambridge, v. 79, n. 3, p. 272, 2012.

AULD, J. R.; AGRAWAL, A. A.; RELYEA, R. A. Re-evaluating the costs and limits of adaptive phenotypic plasticity. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, London, v. 277, n. 1681, p. 503–511, 2010.

BANOS, G.; SMITH, C. Selecting bulls across countries to maximize genetic improvement in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 108, n. 1-6, p. 174–181, 1991.

BANOS, G.; WIGGANS, G.; ROBINSON, J. Comparison of methods to rank bulls across countries. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 75, n. 9, p. 2560–2568, 1992.

BIGNARDI, A. B.; FARO, L. E.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. de. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters holstein cows in southeastern brazil. **Livestock science**, Amsterdam, v. 123, n. 1, p. 1–7,2009.

BOHMANOVA, J.; MIGLIOR, F.; JAMROZIK, J.; MISZTAL, I.; SULLIVAN, P. Comparison of random regression models with legendre polynomials and linear splines for

production traits and somatic cell score of canadian holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 9, p. 3627–3638, 2008.

BOLIVAR, D.; CERON-MUNOZ, M.; BOLIGON, A.; ELZO, M.; HERRERA, A. Genetic parameters for body weight in buffaloes (< i> bubalus bubalis</i>) in colombia using random regression models. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 158, n. 1, p. 40–49, 2013.

BORQUIS, R. R. A.; NETO, F. R. d. A.; BALDI, F.; HURTADO-LUGO, N.; CAMARGO, G. M. de; MUÑOZ-BERROCAL, M.; TONHATI, H. Multiple-trait random regression models for the estimation of genetic parameters for milk, fat, and protein yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, p. 5923–5932, 2013.

BREDA, F.; ALBUQUERQUE, L.; EUCLYDES, R.; BIGNARDI, A.; BALDI, F.; TORRES, R.; BARBOSA, L.; TONHATI, H. Estimation of genetic parameters for milk yield in murrah buffaloes by bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, n. 2, p.784–791, 2010.

BRYANT, J.; LOPEZ-VILLALOBOS, N.; PRYCE, J.; HOLMES, C.; JOHNSON, D.; GARRICK, D. Environmental sensitivity in new zealand dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, n. 3, p. 1538–1547, 2007.

BURROW, H. Importance of adaptation and genotype× environment interactions in tropical beef breeding systems. **Animal**, Cambridge, v. 6, n. 5, p. 729–740, 2012.

CALUS, M.; GROEN, A.; JONG, G. D. Genotype× environment interaction for protein yield in dutch dairy cattle as quantified by different models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 85, n. 11, p. 3115–3123, 2002.

CALUS, M.; VEERKAMP, R. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, n. 11, p. 3756–3764, 2003.

CALUS, M. P.; BIJMA, P.; VEERKAMP, R. F. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 36, n. 5, p. 489–507, 2004.

CARDOSO, F.; TEMPELMAN, R. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Acience**, Champaign, v. 90, n. 7, p. 2130–2141, 2012.

CHEVIN, L.-M.; LANDE, R.; MACE, G. M. Adaptation, plasticity, and extinction in a changing environment: towards a predictive theory. **PLoS Biology**, San Francisco, v. 8, n. 4, p. e1000357, 2010.

CIENFUEGOS-RIVAS, E.; OLTENACU, P.; BLAKE, R.; SCHWAGER, S.; CASTILLO-JUAREZ, H.; RUIZ, F. Interaction between milk yield of holstein cows in mexico and the united states. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, n. 10, p. 2218–2223, 1999.

COSTA, C.; BLAKE, R.; POLLAK, E.; OLTENACU, P.; QUAAS, R.; SEARLE, S. Genetic analysis of holstein cattle populations in brazil and the united states. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, n. 12, p. 2963–2974, 2000.

DEKLEVA, M.; DECHOW, C.; DAUBERT, J.; LIU, W.; VARGA, G.; BAUCK, S.; WOODWARD, B. < i> short communication</i>: Interactions of milk, fat, and protein yield genotypes with herd feeding characteristics. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, n. 3, p. 1559–1564, 2012.

DEWITT, T. J.; SIH, A.; WILSON, D. S. Costs and limits of phenotypic plasticity. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 13, n. 2, p. 77–81, 1998.

DICKERSON, G. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Production**, Bletchley, v. 4, n. 01, p. 47–63, 1962.

DINGEMANSE, N. J.; WOLF, M. Between-individual differences in behavioural plasticity within populations: causes and consequences. **Animal Behaviour**, London, v. 85, n. 5, p. 1031–1039, 2013.

DUNN, D.; LALLO, C. H.; CARNADOVAN, D.; RAM, G. The performance and heat tolerance of water buffaloes (buffalypso) at aripo livestock station, trinidad. **Cuban Journal of Agricultural Science**, La Habana, v. 48, n. 1, p. 55–57, 2014.

FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, Chicago, p. 293–298, 1952.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F.; FRANKHAM, R. Introduction to quantitative genetics. **Trends in Genetics**, Amsterdam, v. 12, n. 7, p. 280, 1996.

FIKSE, W.; REKAYA, R.; WEIGEL, K. Genotype× environment interaction for milk production in guernsey cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, n. 5, p. 1821–1827, 2003.

GEWEKE, J. et al. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. Minneapolis: Federal Reserve Bank of Minneapolis, Research Department, 1991.

HAILE-MARIAM, M.; CARRICK, M.; GODDARD, M. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 12, p. 4840–4853, 2008.

HAMMAMI, H.; REKIK, B.; BASTIN, C.; SOYEURT, H.; BORMANN, J.; STOLL, J.; GENGLER, N. Environmental sensitivity for milk yield in luxembourg and tunisian holsteins by herd management level. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, n. 9, p.4604-4612, 2009.

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

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings**... Champaign: American Society Animal Science, 1973. p.10-41.

HERRERA, L. G. G.; FARO, L. E.; ALBUQUERQUE, L. d.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de leite e persistência da lactação em vacas gir, aplicando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 37, n. 9, p. 1584–1594, 2008.

HURTADO-LUGO, N.; CERON-MUNOZ, M.; ASPILCUETA-BORQUIS, R.; SESANA, R.; ALBUQUERQUE, L. G. de; TONHATI, H. Buffalo milk production in brazil and colombia: Genotype by environment interaction. **Livestock Research for Rural Development**, Blacksburg, v. 23, p. 155, 2011.

JARQUÍN, D.; CROSSA, J.; LACAZE, X.; CHEYRON, P. D.; DAUCOURT, J.; LORGEOU, J.; PIRAUX, F.; GUERREIRO, L.; PÉREZ, P.; CALUS, M. et al. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 127, n. 3, p. 595–607, 2014.

JONG, G. D.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock production science**, Amsterdam, v. 78, n. 3, p. 195–214, 2002.

JR, C. R. H. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, Washington, v. 38, n. 3, p. 623–640, 1982.

KEARNEY, J.; SCHUTZ, M.; BOETTCHER, P.; WEIGEL, K. Genotype× environment interaction for grazing versus confinement. i. production traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, n. 2, p. 501–509, 2004.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; DANELL, B.; JORJANI, H. Reaction norms for protein yield and days open in swedish red and white dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A-Animal Science**, Copenhagen, v. 54, n. 3, p. 139–151, 2004.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A-Animal Science**, Copenhagen, v. 52, n. 1, p. 11–24, 2002.

LILLEHAMMER, M.; ØDEGÅRD, J.; MEUWISSEN, T. H. Reducing the bias of estimates of genotype by environment interactions in random regression sire models. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, n. 1, p. 30, 2009.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in holstein–friesian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 82, n. 1, p. 81–96, 2003.

LÓPEZ-ROMERO, P.; REKAYA, R.; CARABANO, M. Bayesian comparison of test-day models under different assumptions of heterogeneity for the residual variance: the change point technique versus arbitrary intervals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 121, n. 1, p. 14–25, 2004.

MARAI, I.; HAEEB, A. Buffaloś biological functions as affected by heat stress.a review. **Livestock Science**, Amsterdam, v.127, p. 89-109, 2010.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 30, n. 3, p. 221, 1998. Disponíve em:<http://dx.doi.org/10.1186/1297-9686-30-3-221>.

MEYER, K. Random regression analyses using b-splines to model growth of australian angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 37, n. 5, p. 473–500, 2005.

MISZTAL, I. **BLUPF90 family of programs.** Athens: University of Georgia,2013.Disponível em: <Http://nce.ads.uga.edu/ ig- nacy/newprograms.html>.

MOCZEK, A. P.; SULTAN, S.; FOSTER, S.; LEDÓN-RETTIG, C.; DWORKIN, I.; NIJHOUT, H. F.; ABOUHEIF, E.; PFENNIG, D. W. The role of developmental plasticity in evolutionary innovation. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, London, v. 278, n. 1719, p. 2705–2713, 2011.

MOITA, A. K. F.; LOPES, P. S.; TORRES, R. Heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de búfalas no brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 39, n. 7, p. 1443–1449, 2010.

MULDER, H. A.; RÖNNEGÅRD, L.; FIKSE, W. F.; VEERKAMP, R. F.; STRANDBERG, E. Estimation of genetic variance for macro-and micro-environmental sensitivity using double hierarchical generalized linear models. **Genetics Selection Evolution**, Paris,, v. 45, n. 1, p. 23, 2013.

MUÑOZ, C.; F, G. A.; J, R.-T.; T, C.; S, G.-M. Parametros geneticos para la produccio de leche, grasa y proteina en bufalos de colombia. **Livestock Research for Rural Development**, Blacksburg,v. 24, n. 30, p. 5, 2012. Disponível em: <http://www.lrrd.org/lrrd24/2/ cero24030.htm>.

MURREN, C. J.; MACLEAN, H. J.; DIAMOND, S. E.; STEINER, U. K.; HESKEL, M. A.; HANDELSMAN, C. A.; GHALAMBOR, C. K.; AULD, J. R.; CALLAHAN, H. S.; PFENNIG, D. W. et al. Evolutionary change in continuous reaction norms. **American Naturalist**, Chicago, v. 183, n. 4, p. 453–467, 2014.

PAVLICEV, M.; WAGNER, G. P. A model of developmental evolution: selection, pleiotropy and compensation. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam,v. 27, n. 6, p.316-322.

PÉGOLO, N. T.; OLIVEIRA, H. N.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and molecular biology**, Ribeirão Preto, v. 32, n. 2, p. 281–287, 2009.

PEREIRA, R.; BIGNARDI, A.; FARO, L. E.; VERNEQUE, R.; FILHO, A. V.; ALBUQUERQUE, L. Random regression models using legendre polynomials or linear splines for test-day milk yield of dairy gyr (< i> bos indicus</i>) cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, n. 1, p. 565–574, 2013.

PIGLIUCCI, M. Evolution of phenotypic plasticity: where are we going now?.**Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 20, n. 9, p. 481–486, 2005.

POSADAS, M. V.; LÓPEZ, F. d. J. R.; VALDENEGRO, H. M.; KEOWN, J. F.; VLECK, L. D. V. Evaluación genética para la producción de leche en ganado holstein en méxico. **Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias**, Mexico, v. 37, n. 3, 2012.

REED, T. E.; WAPLES, R. S.; SCHINDLER, D. E.; HARD, J. J.; KINNISON, M. T. Phenotypic plasticity and population viability: the importance of environmental predictability. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, London, p. rspb20100771, 2010.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, Washington, v. 15, n. 3, p. 469–485, 1959.

RORATO, P.; VLECK, D. V.; VERNEQUE, R. d. S.; MARTÍNEZ, M.; VALENTE, J.; GADINI, C. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça holandesa no brasil. 2. uso de um modelo animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, p. 2030–2035, 2000.

SANTOS, D.; PEIXOTO, M.; BORQUIS, R.; VERNEQUE, R.; PANETTO, J.; TONHATI, H. Genetic parameters for test-day milk yield, 305-day milk yield, and lactation length in guzerat cows. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 152, n. 2, p. 114–119, 2013.

SARKAR, S. From the reaktionsnorm to the adaptive norm: the norm of reaction, 1909-1960. **Biology and Philosophy**, Dordrecht, v. 14, n. 2, p. 235–252, 1999.

SARWAR, M.; KHAN, M.; NISA, M.; BHATTI, S.; SHAHZAD, M. et al. Nutritional management for buffalo production. **Asian-Aust Journal of Animal Science,** v. 22, p. 1060–1068, 2009.

SENO, L.; FERNANDEZ, J.; CARDOSO, V.; GARCIA-CORTES, L.; TORO, M.; SANTOS, D.; ALBUQUERQUE, L.; CAMARGO, G. de; TONHATI, H. Selection strategies for dairy buffaloes: economic and genetic consequences. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 129, n. 6, p. 488–500, 2012.

SESANA, R.; BIGNARDI, A.; BORQUIS, R.; FARO, L. E.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.; TONHATI, H. Random regression models to estimate genetic parameters for test-day milk yield in brazilian murrah buffaloes. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 127, n. 5, p. 369–376, 2010.

SHARIATI, M.; SORENSEN, D. Efficiency of alternative mcmc strategies illustrated using the reaction norm model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 125, n. 3, p. 176–186, 2008.

SILVESTRE, A.; PETIM-BATISTA, F.; COLACO, J. Genetic parameter estimates of portuguese dairy cows for milk, fat, and protein using a spline test-day model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, n. 3, p. 1225–1230, 2005.

STANTON, T.; BLAKE, R.; QUAAS, R.; VLECK, L. D. V.; CARABANO, M. Genotype by environment interaction for holstein milk yield in colombia, mexico, and puerto rico. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, n. 5, p. 1700–1714, 1991.

STINCHCOMBE, J. R.; KIRKPATRICK, M. Genetics and evolution of function-valued traits: understanding environmentally responsive phenotypes. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v.27, n.11, p.637-647, 2012.

STREIT, M.; REINHARDT, F.; THALLER, G.; BENNEWITZ, J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the german holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 129, n. 5, p. 380–389, 2012.

TONHATI, H.; CERÓN, M.; OLIVEIRA, J.; DUARTE, J. C.; FURTADO, T. P.; TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 6, p. 2051–2056, 2000.

TONHATI, H.; LIMA, A. L.; LANNA, D. P.; CAMARGO, G. M. de; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L. G. de; MONTREZOR, J. M. Milk fatty acid characterization and genetic parameter estimates for milk conjugated linoleic acid in buffaloes. **Journal of Dairy Research**, Cambridge, v. 78, n. 2, p. 178, 2011.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M.; DUARTE, J.; REICHERT, R.; OLIVEIRA, J.; LIMA, A. Estimates of correction factors for lactation length and genetic parameters for milk yield in buffaloes. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 56, n. 2, p. 251–257, 2004.

TONHATI, H.; VASCONCELLOS, F.; ALBUQUERQUE, L. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a murrah buffalo herd in são paulo, brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 117, n. 5, p. 331–336, 2000.

VANDENPLAS, J.; BASTIN, C.; GENGLER, N.; MULDER, H. Genetic variance in micro-environmental sensitivity for milk and milk quality in walloon holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, n. 9, p. 5977–5990, 2013.

WANG, Z.; PANG, X.; LV, Y.; XU, F.; ZHOU, T.; LI, X.; FENG, S.; LI, J.; LI, Z.; WU, R. A dynamic framework for quantifying the genetic architecture of phenotypic plasticity. **Briefings in bioinformatics**, London, p. bbs009, 2012.

YAP, J. S.; LI, Y.; DAS, K.; LI, J.; WU, R. Functional mapping of reaction norms to multiple environmental signals through nonparametric covariance estimation. **BMC Plant Biology**, London, v. 11, n. 1, p. 23, 2011.