Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil

DIEGO PAGUNG AMBROSINI

2015

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil

Autor: Diego Pagung Ambrosini
Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA
BAHIA - BRSIL
Fevereiro de 2015

Diego Pagung Ambrosini

Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Coorientadores**:** Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado
Prof. Dr. Raimundo Martins Filho

ITAPETINGA
BAHIA - BRSIL
Fevereiro de 2015

636.082 Ambrosini, Diego Pagung.
A531n Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil. / Diego Pagung Ambrosini. – Itapetinga-BA: UESB, 2015.

86f.

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e coorientação do Prof. D.Sc. Henrique Mendes Malhado e Prof. D.Sc. Raimundo Martins Filho.

1. Bovinos da raça Nelore - Avaliação genética. 2. Raça Nelore – Parâmetros genéticos. 3. Raça Nelore – Plasticidade fenotípica. 4. Raça Nelore - Sensibilidade ambiental - Tendência genética. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, C*ampus* de Itapetinga. II. Carneiro, Paulo Luiz Souza. III. Malhado, Carlos Henrique Mendes. IV. Martins Filho, Raimundo. V. Título.

CDD(21): 636.082

Catalogação na Fonte:
Adalice Gustavo da Silva – CRB 535-5ª Região
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bovinos da raça Nelore - Avaliação genética
2. Raça Nelore – Parâmetros genéticos
3. Raça Nelore – Plasticidade fenotípica
4. Raça Nelore - Sensibilidade ambiental - Tendência genética

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-*BA*

D E C L A R A Ç Ã O D E A P R O V A Ç Ã O

Título: "Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil".

Autor (a): Diego Pagung Ambrosini
Orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

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

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB

Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB

Prof. Dr. Marcelo Cervini – UESB

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau – UESC

Profª. Drª. Luanna Chácara Pires -UFSB

Data de realização: 26 de fevereiro de 2015.

"Se você encontrar um caminho sem obstáculos, ele provavelmente não leva a lugar nenhum".

Frank Clark

"Determinação, coragem e autoconfiança são fatores decisivos para o sucesso. Se estamos possuídos por uma inabalável determinação, conseguiremos superá-los. Independentemente das circunstâncias, devemos ser sempre humildes, recatados e despidos de orgulho".

Dalai Lama

"É melhor atirar-se em luta, em busca de dias melhores, do que permanecer estático como os pobres de espírito, que não lutaram, mas também não venceram. Que não conheceram a glória de ressurgir dos escombros. Esses pobres de espírito, ao final de sua jornada na Terra, não agradecem a Deus por terem vivido, mas se desculpam diante dele, por, simplesmente, haverem passado pela vida".

Bob Marley

Dedico esta tese à minha amada esposa, que sempre esteve ao meu lado durante todos os desafios e obstáculos; e ao meu lindo e amado filho, Joaquim Miguel, que se juntou a nós ao final desta jornada.

Aos meus amados e queridos pais, Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini, pelo amor, carinho, confiança e por acreditarem no meu potencial. Sempre estiveram ao meu lado, incentivando e apoiando meus estudos. Com certeza, tudo o que eu sou e tenho hoje é graças a vocês!!!

Aos meus queridos irmãos, Eduardo e Priscila, pela grande amizade e confiança que sempre tiveram em mim.

Não poderia esquecer os meus sobrinhos hiperativos e maravilhosos, que amo muito, Eduardo Nickolas e Rafael, vocês também fazem parte desta jornada.

AMO VOCÊS!!!

AGRADECIMENTOS

Inicialmente, a Deus, por eu ter conseguido concretizar mais uma etapa da minha jornada terrena, por ter me ajudado a romper as barreiras e superar as dificuldades;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade do curso; ao Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação da UESB, pelo apoio; e aos Programas de Pós-Graduação em Zootecnia, Genética e Melhoramento e Estatística/Biometria da Universidade Federal de Viçosa, pelo acolhimento;

Ao professor Dr. Raimundo Martins Filho (coorientador) e à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, pelos dados;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia – FAPESB, pela concessão da bolsa, que me permitiu concluir o doutorado;

Ao meu orientador, professor Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro, e coorientador, professor Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, pelos grandes e preciosos ensinamentos, paciência, dedicação e, acima de tudo, pela grande amizade. Principalmente, por terem acreditado nesta vitória. A eles, a minha sincera e eterna gratidão, jamais os esquecerei;

Aos professores, Dr. José Braccini Neto e Jaime Araújo Cobuci, pelos ensinamentos e apoio, sempre prontos a ajudar com minhas dúvidas;

Agradeço ao pesquisador da EMPRAPA, Dr. Fernando Flores Cardoso, pelo auxílio com minhas análises, seus ensinamentos me ajudaram muito na minha caminhada, sempre serei muito grato;

Agradeço aos Professores Dr. Marcelo Cervini, Drª. Luanna Chácara Pires e ao Dr. Amauri Arias Wenceslau, por terem aceitado o convite para participar da minha banca de defesa, seus ensinamentos serão levados comigo;

A todos os meus amigos/irmãos que são ou foram da família Carneiro/Malhado: Fernando Barreto Rodrigues, Barbara Campos Machado, Mário Henrique Magalhães Araújo da Silva, Ana Carla Borges Barbosa, Aracele Prates de Oliveira, Rosimira dos Santos Amaral, Laaina de Andrade Souza, Lorena Mirelle Santos Muniz, Jarbas Corrêa, Eva Clícia de Jesus Almeida, Júlio Jaat, Thon Jovita Farias e Milton Rezende Teixeira

Neto; e ao meu grande amigo de Itapetinga, Antônio Carlos Pinheiros Cani, pela convivência harmoniosa e pelos momentos de descontração. Esta turma será sempre lembrada!!! Obrigado a todos pela força, pelo carinho e pela eterna AMIZADE!!!

Não posso deixar de agradecer aos meus novos amigos/colegas da UFV: Ederson Gomes Camargo, Sirlene Fernandes Lázaro e Laís Costa Brito, que foram as primeiras pessoas que eu conheci, e a tantos outros como o Edinho, Rogério, Vinícius, Felipe e Humberto. Meu muito obrigado a vocês pela amizade e hospitalidade;

Ao meu grande amigo, desde a graduação, Bruno Andreatta Scottá, que reencontrei na UFV, agradeço pelo convívio, pelos momentos de descontração e pelas novas amizades da Barbara, Priscila Campos e do seu esposo Fabiano. Muito bom aquele baralhinho...;

Aos professores da UFV: Fabyano Fonseca e Silva, Simone Eliza Facioni Guimarães, Paulo Sávio Lopes e tantos outros que tanto contribuíram para que eu pudesse aprimorar meu conhecimento; ao pesquisador da EMPRAPA, Dr. Fernando Brito Lopes, por me ajudar com algumas dúvidas;

Não posso deixar de agradecer à minha família: Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini, Eduardo, Priscila, Eduardo Nickolas e Rafael. Agradeço também ao meu sogro Jair e minha sogra Nice;

E mais que tudo, agradeço muito à minha amada e querida esposa, minha Mariolinha, razão do meu viver, meu tudo, Ariele. Sei que passamos por muitas dificuldades e provações em alguns períodos, sei também que a distância foi um grande obstáculo para nós, mas vejo que isso está acabando. Agradeço-lhe por estar ao meu lado durante todos estes anos, e espero que esteja por muitos outros. Sabe que nosso amor é listradinho "né"?!... AMO-TE minha princesa!!!! Agradecimento, em especial, para o meu primeiro filho, Joaquim Miguel (amor listradinho…), é impossível mensurar o quanto eu te amo filho, você ajudou a fechar esta tese com chave de ouro;

Aos meus avós, Jaci e Artur, pelo amor e incentivo, agradeço a todos meus familiares, de forma geral, porque não teria espaço para colocar aqui o nome de todos os meus tios e primos, que sempre estiveram torcendo por mim; e a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, colaboraram para a realização desta tese, pois sozinho é impossível concluir um trabalho como este.

A todos vocês, meu muito obrigado, de todo coração!

BIOGRAFIA

Diego Pagung Ambrosini, filho de Miguel Ambrosini e Maria da Penha Pagung Ambrosini, nasceu em 02 de março de 1983, em Linhares, Espírito Santo.

Em agosto de 2005, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal do Espírito Santo - UFES, finalizando o mesmo com um semestre de antecedência, em dezembro de 2009.

Em março de 2010, iniciou o curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, na área de Concentração em Produção de Ruminantes, dedicando-se à área de Genética e Melhoramento Animal.

No dia 15 de fevereiro de 2012, casou-se com Ariele Souza da Vitória Ambrosini.

Em 24 de fevereiro de 2012, defendeu a Dissertação de mestrado.

Após seu casamento e sua defesa de dissertação, viajou junto com sua esposa para Jequié-BA, onde começou seus trabalhos na Tese de Doutorado na UESB, que teve início oficialmente dia 9 de abril de 2012.

Depois de um ano de curso, realizou um período de estudos na Universidade Federal de Viçosa – UFV, para término dos créditos e, principalmente, para aprimorar seu conhecimento.

Dia 26 de março de 2014, teve a notícia que sua esposa estava grávida de seu primeiro filho, Joaquim Miguel, que veio a nascer com muita saúde no dia 01 de dezembro de 2014.

Qualificou-se no dia 05 de junho de 2014, em Jequié, defendeu sua tese e tornou-se Doutor em Zootecnia com ênfase em Genética e Melhoramento dos Animais domésticos, em 26 de fevereiro de 2015.

SUMÁRIO

Página
LISTA DE FIGURAS viii
LISTA TABELAS ix
RESUMO x
ABSTRACT xii
1 REFERENCIAL TEÓRICO 1
1.1. Introdução 1
1.2. Bovinocultura de corte no Brasil e Nordeste 2
1.3. Interação genótipo ambiente (IGA) 2
1.3.1. Descritores ambientais 5
1.4. Definição do Gradiente Ambiental 6
1.5. Robustez e plasticidade fenotípica 7
1.6. Metodologia para estudo da IGA 8
1.7. Referências 11
II - OBJETIVOS GERAIS 17
III - CAPÍTULO I: 18
INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DO NELORE NO NORDESTE DO BRASIL 18
Resumo 18
Abstract 18
Introdução 19
Material de métodos 21
Resultados e Discussão 25
Conclusão 34
Referências 35
IV - CAPÍTULO II: 41

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES VIA NORMAS DE REAÇÃO PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS DO NELORE NO NORDESTE DO BRASIL 41
Resumo 41
Abstract 41
Introdução 42
Material de métodos 43
Resultados e Discussão 47
Conclusão 62
Referências 63
VI - CONCLUSÕES FINAIS 68

LISTA DE FIGURAS

Página

Capítulo I

Figura 1 – Herdabilidade para as características Idade ao Primeiro Parto (A) e Intervalo de Partos (B) nos modelos propostos no gradiente ambiental. 27
Figura 2 – Correlações de Spearman entre os valore genéticos preditos dos reprodutores para a idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) em bovinos Nelore. As linhas indicam as correlações entre os ambientes baixo (-283 e -121 para IPP e IDP, respectivamente), médio (0) e alto (341 e 201 para IPP e IDP, respectivamente) e todos os ambientes. 29
Figura 3 – Normas de reação ao longo do Gradiente ambiental para as características Idade ao Primeiro Parto e Intervalos de Partos obtidos para os 10 reprodutores com maior número de filhos. 30
Figura 4 – Porcentagem de animais com genótipos extremamente robustos, robustos, plásticos e extremamente plásticos para a idade ao primeiro parto, intervalo de partos em bovinos Nelore no nordeste do Brasil. 31
Figura 5 – Tendência genética para a característica Idade ao Primeiro Parto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto, período de 1976 a 2011. 34

Capítulo II

Figura 1 – Herdabilidade para as características GP345 efeito direto e materno, P205 efeito direto e materno, P365 e P550 nos modelos propostos no gradiente ambiental... 50
Figura 2 – Correlações de Spearman entre os valore genéticos dos reprodutores para ganho de peso da desmama ao ano (GP345) e peso aos 205, 365 e 550 dias, P205, P365 e P550, respectivamente. As linhas indicam as correlações entre os ambientes baixo (-69, -48, -75 e -105 para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente), médio (0) e alto (77, 47, 117 e 171 para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente) e todos os outros ambientes. 53
Figura 3 – Normas de reação ao longo do Gradiente ambiental para as características GP345 direto (A) e (B), P205 direto (C) e materno (D), P365 (E) e P550 (F) obtidos para os 10 reprodutores com maior número de filhos. 55
Figura 4 – Porcentagem de animais com genótipos extremamente robustos, robustos, plásticos e extremamente plásticos para a idade ao primeiro parto, intervalo de partos em bovinos Nelore no nordeste do Brasil. 57
Figura 5 – Tendência genética para a característica GP345 efeito direto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2010. 59
Figura 6 – Tendência genética para a características P205 efeito direto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011. 60
Figura 7 – Tendência genética para a característica P365 no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011. 61
Figura 8 – Tendência genética para a característica P550 no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011. 62

LISTA TABELAS

Página

Capítulo I

Tabela 1 – Descrição dos critérios utilizados para descarte das observações..... 21
Tabela 2 – Critério de Informação da Deviance (DIC); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB), no modelo animal padrão (MA) e nos modelos hierárquicos de normas de reação: homocedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) e heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$).... 25
Tabela 3 – Média *posteriori* e desvio padrão da variância genética, residual e herdabilidade, correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação e mínimo e máxima das inclinações. 26
Tabela 4 – Número médio de progênies e valor genético nos diferentes ambientes e genótipos. 33

Capítulo II

Tabela 1 – Descrição dos critérios utilizados para descarte das observações..... 44
Tabela 2 – Critério de Informação da Deviance (DIC); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB), no modelo animal padrão (MA) e nos modelos hierárquicos de normas de reação: homocedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) e heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$).... 47
Tabela 3 – Média *posteriori* e desvio padrão da variância genética e herdabilidade, correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação e mínimo e máxima das inclinações. 48
Tabela 4 – Número médio de progênies e valor genético nos diferentes ambientes e genótipos. 58

RESUMO

AMBROSINI, Diego Pagung. **Normas de reação em características produtivas e reprodutivas de bovinos da raça Nelore no Nordeste do Brasil**. Itapetinga, BA: UESB, 2015. 86p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).**

Na região Nordeste brasileira existe grande variação nas condições edafoclimáticas e nos sistemas de criação de bovinos da raça Nelore, tornando-se imprescindíveis estudos com relação à interação genótipos ambientes (IGA). Neste sentido, objetivou-se avaliar a presença da IGA e estimar o progresso genético nos níveis ambientais: baixo, médio e alto do gradiente ambiental, para as características produtivas de ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), e peso aos 205, 365 e 550 dias de idade (P205, P365 e P550, respectivamente), e reprodutivas de idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de parto (IDP). O trabalho foi desenvolvido utilizando-se dados cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). De um total de 112989 registros para características produtivas e 56401 registros para reprodutivas, foram mantidos apenas registros em que os rebanhos eram conectados. Para cada característica, foram utilizados cinco modelos de análise: modelo animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação com variância residual homogênea (homocedástico) com dois passos ($MHNRHO_{2p}$) e com um passo ($MHNRHO_{1p}$), modelo hierárquico normas de reação com variância residual heterogênea (heterocedástico) com dois passos ($MHNRHE_{2p}$) e com um passo ($MHNRHE_{1p}$). Nos MHNR, o valor genético do animal foi obtido por uma função do valor ambiental médio, ou seja, em cada nível ambiental existe um valor genético específico. Para as características de peso e ganho de peso, o $MHNRHO_{1P}$ proporcionou ajuste superior, enquanto o $MHNRHE_{1p}$ proporcionou melhor ajuste para as características reprodutivas. As herdabilidades para as características reprodutivas foram menores nos piores ambientes e aumentaram à medida que as condições de criação melhoraram (0,06 a 0,12 para IPP; e de 0,01 a 0,03 para IDP, nos ambientes de baixo a alto). A média *a posteriori* das herdabilidades diretas das características produtivas variaram no gradiente ambiental de 0,03 a 0,63; 0,13 a 0,62; 013 a 0,82 e 0,06 a 0,87, respectivamente, para GP345, P205, P365 e P550. A correlação entre o intercepto e a inclinação das normas de reação foi alta, com valores de 0,93; 0,95; 0,92; 0,82; 0,91 e 0,93, respectivamente, para GP345 (direto), GP345 (materno), P205 (direto), P205 (materno), P365 e P550. Para estas características, as tendências genéticas para o MA e MHNR, nos ambientes baixo, médio e alto, foram positivas e crescentes para os efeitos diretos nos 36 anos que compreenderam os registros deste estudo. A correlação de Spearman entre as classificações dos reprodutores demonstrou de baixa à moderada alteração na classificação. Estes resultados demonstram a necessidade de considerar a interação genótipos ambientes no processo seletivo, principalmente nos níveis de baixo desempenho dos indivíduos, em que houve a maioria das inversões na classificação. Em geral, os reprodutores de maior valor genético médio foram os que mais responderam às

---

**Orientador: *D.Sc.* Paulo Luiz Souza Carneiro, UESB e Coorientadores: *D.Sc.* Carlos Henrique Mendes Malhado, UESB e *D.Sc.* Raimundo Martins Filho, UFC.

modificações ambientais. Para as características reprodutivas, observou-se que a maioria dos touros apresentou-se robustos à variação ambiental, entretanto, quando se considera os touros com maior número de filhas, evidencia-se IGA, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para IPP e, em menor magnitude, para IDP. Os modelos hierárquicos de normas de reação permitiram identificar o tipo e intensidade da IGA para as características produtivas e podem ser utilizados para maximizar o progresso genético, sob condições variáveis de ambiente. As estimativas dos valores genéticos e das herdabilidades aumentaram concomitante à melhoria ambiental e mostram possibilidades de ganhos genéticos, principalmente na seleção e uso de genótipos em ambientes de médio e alto manejo.

Palavra-chave: avaliação genética, parâmetros genéticos, plasticidade fenotípica, sensibilidade ambiental, tendência genética.

**Orientador: *D.Sc.* Paulo Luiz Souza Carneiro, UESB e Coorientadores: *D.Sc.* Carlos Henrique Mendes Malhado, UESB e *D.Sc.* Raimundo Martins Filho, UFC.

ABSTRACT

AMBROSINI, Diego Pagung. **Reaction norms in productive and reproductive traits of Nellore cattle in northeastern Brazil**. Itapetinga-BA: UESB, 2015. 86p. (PhD Thesis in Zootechny - Majoring area - Ruminant Production).**

In the Brazilian Northeast, there is wide variation in environmental conditions and in cattle breeding systems, making it essential studies regarding the genotypes x environments interaction (GEI). This sense, the objective was to evaluate the presence of GEI and estimate the genetic progress in levels low, medium and high the environmental gradient for traits, weight gain from weaning to yearling (WG345), weights at 205, 365 and 550 days of age (W205, W365 and W550 respectively), and reproductive age at first calving (AFC) and calving interval (CI). The study was conducted using data provided by the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ). From 112989 records for production traits and 56401 records for reproductive traits, were kept only records where the herds were connected. For each trait were used five analysis models: standard animal model (AM) reaction norm hierarchical model with homogeneous residual variance (homoscedastic) with two steps ($RNHM_{2S}Hm$) and with a step ($RNHM_{1S}Hm$), reaction norm hierarchical model with heterogeneous residual variance (heteroscedastic) with two steps ($RNHM_{2S}Ht$) and a step ($RNHM_{1S}Ht$). In RNHM, genetic value of the animal were obtained by a function of the average environmental value, in other words, in each level environmental there is a specific genetic value. For the of adjusted weight and weight gain traits, the $RNHM_{1S}Hm$ provided superior fit, while the $RNHM_{1S}Ht$ provided better fit for the reproductive traits, the most appropriate model. The heritability for reproductive traits were lower in the harshest environments and increased as the creation of conditions improved (0.06 to 0.12 in AFC and from 0.01 to 0.03 for CI for low and high environments). Estimates of direct heritability weights ranged in environmental gradient from 0.04 to 0.48; 0.13 to 0.62; 013 to 0.82 and 0.06 to 0.87, respectively, for WG345, W205, W365 and W550. The correlation between the intercept and the slope of the reaction norms was high, with values of 0.93; 0.95; 0.92; 0.82; 0.91 and 0.93 respectively for SW345 (direct), SW345 (maternal), W205 (direct), W205 (maternal), W365 and W550. For these traits, genetic trends for the AM and RNHM in low, medium and high environments were positive and rising to the direct effects in 36 years that comprised the records of this study. The Spearman correlation between the ratings of the sires showed low to moderate change in the classification. These results demonstrate the need to consider the genotypes x environments interaction in the selection process, especially in low performance levels of individuals, in which there was the most inversions in the standings. In general, the breeding of higher average genetic value were the most responded to the environmental changes. For reproductive traits, it was observed that most of sires showed up robust to environmental variation, however when considering the sires with more daughters, it is clear GEI, being watched classification changes and / or scale effect for IPP and, to a lesser extent, for IDP. The reaction norms hierarchical models possible to identify the

**Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, *D.Sc.,* UESB and Coadvisers: Carlos Henrique Mendes Malhado,*D.Sc.*, UESB and Raimundo Martins Filho, *D.Sc.*, UFC.

type and intensity of GEI for production characteristics and can be used to maximize the genetic progress under ambient conditions variables. Estimates of breeding values and heritability increased concomitant environmental improvement and show possibilities of genetic gains, particularly in the selection and use of genotypes in medium and high management environments.

Key words: genetic evaluation, reaction norms, genetic parameters, phenotypic plasticity, environmental sensitivity

**Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, *D.Sc.,* UESB and Coadvisers: Carlos Henrique Mendes Malhado,*D.Sc*., UESB and Raimundo Martins Filho, *D.Sc*., UFC.

1 REFERENCIAL TEÓRICO

1.1. Introdução

A produção animal é complexa sob diversos aspectos, e para se obter o máximo lucro, busca-se aprimorar os processos envolvidos. Melhorias na nutrição, sanidade, reprodução, manejo, ambiência e melhoramento genético são necessárias. Com relação ao melhoramento genético, sabe-se que aumentam as exigências gerais de manejo e nutrição à medida que se utiliza animais com maior potencial genético.

Em um país continental como o Brasil, que apresenta grande diversidade edafoclimáticas e variados sistemas de criação de bovinos, os desempenhos das progênies podem ser muito diferentes do esperado, devido à interação genótipos ambientes (IGA). Dessa forma, a sensibilidade ambiental (SA) dos genótipos poderá influenciar no desempenho dos indivíduos, de acordo com o ambiente de criação. Sob este efeito, touros poderão ser classificados de maneira diferente, se suas progênies forem avaliadas em condições ambientais diversas.

Características reprodutivas são fundamentais em qualquer sistema de produção, pois elas vão determinar índices zootécnicos, como taxas de prenhez, taxas de natalidade, período de serviço, intervalo de partos e idade ao primeiro parto. Fêmeas mais precoces e que permaneçam mais tempo no plantel vão determinar o sucesso do programa e o retorno financeiro ao produtor. Já as características de crescimento são de grande importância econômica, pois são determinantes nas principais etapas de desenvolvimento, afetando diretamente o peso final do animal.

Programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil não consideram a IGA em suas análises e poucos são os estudos com características ligadas à eficiência reprodutiva, fazendo-se necessário estudar a sensibilidade dos genótipos, quando há variações ambientais. Dessa forma, objetivou-se estimar parâmetros e tendências genéticas diretas em função do gradiente ambiental para o ganho de peso da desmama ao sobreano, os pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade, além das características reprodutivas de idade ao primeiro parto e intervalo de partos de animais da raça Nelore no Nordeste do Brasil.

1.2. Bovinocultura de corte no Brasil e Nordeste

A pecuária é um setor que gera um número considerável de empregos diretos e indiretos em todas as regiões brasileiras, apresentando diferentes formas de criação, como de ciclo completo, que envolve a cria, recria e terminação, cria e recria ou somente cria ou terminação. Os sistemas de produção podem variar desde a forma extensiva com nutrição exclusivamente de campos nativos ou de pastagens de inverno ou verão, até a utilização de um sistema extremamente intensivo, em que os animais na maior parte são suplementados em confinamento (CEZAR et al., 2005).

O Brasil tem o maior rebanho comercial do mundo, com 213,69 milhões de cabeças (IBGE, 2013). Cerca de 80% do rebanho é composto por animais puros ou cruzados, de raças zebuínas (*Bos taurus indicus*), que são animais de comprovada rusticidade e adaptação ao ambiente.

De acordo com o IBGE (2013), no relatório da pesquisa Produção da Pecuária Nacional, o Nordeste tinha, em 31 de dezembro de 2011, 29.583.041 cabeças de gado. Estima-se que, no início de 2014, 20% deste efetivo morreram por falta de água e alimento, 10% serão abatidos antes da hora e 10% serão vendidos para outros Estados, como Pará e Maranhão. Ou seja, em decorrência da seca, o Nordeste poderá ter perdido quase 40% de seu rebanho, um prejuízo incalculável, e demorará anos até esta região se recuperar da pior seca dos últimos anos.

O Nelore é um animal bem adaptado às condições brasileiras, tanto ao ambiente quanto ao sistema de produção. Criados em sua maioria a pasto, com suplementação mineral para suprir a carência de nutrientes durante o período “seco” do ano.

Apesar das dificuldades encontradas no Nordeste, o rebanho bovino brasileiro está em plena evolução, com melhoria contínua dos seus índices zootécnicos, tornando-se cada dia mais produtivo e eficiente. A maior e melhor produção em área constante têm permitido que a pecuária brasileira se torne cada vez mais sustentável, uma referência no mundo inteiro (ABIEC, 2012).

1.3. Interação genótipo ambiente (IGA)

Uma questão básica no melhoramento genético animal é se a seleção dos animais, praticada em um determinado ambiente, resulta em progresso genético em outro tipo de ambiente. A resposta a esta questão está relacionada à presença da

interação genótipos ambientes (IGA). Esta caracteriza-se pela resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, podendo ocasionar alteração na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes (FALCONER, 1996).

Em algumas situações, o valor genético é afetado por efeitos ambientais. Isso é resultado da habilidade do genoma do animal em responder às mudanças ambientais, também conhecidas como plasticidade fenotípica ou sensibilidade ambiental (SA). Lembrando que ambiente não significa apenas os locais físicos onde os animais são criados, mas também a temperatura, latitude, longitude, regime alimentar, nutrição, ou seja, tudo que pode levar a variações no desempenho produtivo.

Lush (1945) já recomendava que os animais deveriam ser mantidos e avaliados no ambiente, no qual suas progênies seriam criadas, de forma que os genes desejados pudessem ter a oportunidade de expressar seus efeitos para fins de seleção. Também, Hammond (1947) propôs que os animais deveriam ser selecionados nos melhores ambientes, para que pudessem expressar melhor os genes de interesse. Falconer (1952) sugeriu que o conjunto de genes responsáveis pela expressão de determinada característica podia variar de acordo com o ambiente de criação. Portanto, a IGA pode ser estudada para melhorar o progresso genético das populações.

Este tipo de interação pode causar três possíveis efeitos: 1) heterogeneidade de variância genética e residual entre os ambientes (também conhecido como efeito de escala); 2) reclassificação dos reprodutores nos estratos ambientais, baseado no seu valor genético; e 3) heterogeneidade nas correlações entre duas ou mais características nos ambientes.

Considera-se que, se apenas o efeito de escala existir e não ocorrer a reclassificação dos reprodutores, então a IGA não terá tanta importância, uma vez que os melhores touros serão os mesmos, independente do ambiente. No entanto, a magnitude da variação genética afeta o ganho genético e, por conseguinte, a mudança na variação genética em ambientes também é importante. Salientando que, quanto mais distantes forem os genótipos e/ou os ambientes mais heterogêneos, mais fácil será identificar a existência desta interação. E ela pode se expressar de formas e intensidades diferentes.

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de bovinos de corte do Brasil estimam os componentes de (co)variância por máxima verossimilhança restrita (REML), em um modelo animal, com predição dos valores genéticos, por meio

de melhores preditores lineares não viesados (BLUP). Nestas avaliações, a pressuposição assumida é a ausência de interação genótipos ambientes, ou seja, as variâncias residuais e genéticas são consideradas constantes para todos os rebanhos. São desconsideradas, assim, quaisquer diferenças no comportamento de um mesmo genótipo em condições diferentes de produção.

Estudos sobre IGA no Brasil são numerosos, variando a característica estudada, o rebanho, além da metodologia utilizada. No melhoramento genético animal, a importância dessa interação se reflete na afirmação de Bàrria (1978), de que se pode esperar atraso da resposta à seleção, quando as interações genótipos ambientes são de tal magnitude que a classificação dos genótipos muda segundo as modificações ambientais.

Vários são os trabalhos que encontram efeito da IGA na produção animal. Toral et al. (2004), avaliaram o Nelore no estado de Mato Grosso, via correlação das características pesos ao nascimento (PN), aos 205, 365 e 550 dias de idades, de diferentes regiões; e LOPES et al. (2008), através da mesma metodologia, também verificaram a ocorrência da IGA no sul do Brasil, estudando a raça Nelore. Utilizando a metodologia de norma de reação Cardoso & Tempelman (2012) verificaram a existência da IGA em duas populações da raça Angus, uma importada e outra nacional. Rodrigues (2014) verificou a IGA em búfalos da raça mediterrâneo, também com a metodologia de norma de reação. Ambrosini (2012) e Souza (2014) verificaram a ocorrência de efeito de escala e IGA complexa em animais nas raças Nelore Mocho e Tabapuã, respectivamente. Utilizando funções de covariância, Pegolo et al. (2009) verificaram a existência da IGA para o peso ajustado aos 450 dias no Nelore. As funções de covariância também foram úteis em identificar a interação marcadores moleculares e covariáveis ambientais (JARQUÍN et al., 2013).

Com o advento da seleção genômica, pode-se fazer o uso desta ferramenta para incrementar os meios de estudos de IGA. Silva (2014), utilizando uma matriz de parentesco genômica, realizou um estudo de IGA com suínos, porém, não constataram a existência desta interação, o que pode ser explicado pelo simples fato das granjas serem altamente tecnificadas, proporcionando um ambiente comum para todos os animais. A utilização de SNPs na bovinocultura de leite já é realidade (STRAIT et al., 2013) e terá grande importância para a bovinocultura no Brasil, haja vista a grande extensão

territorial e a gama de diversos climas e subclimas. Porém, é uma metodologia que requer a genotipagem dos animais, e isso possui custo elevado.

1.3.1. Descritores ambientais

De acordo com King et al. (2006), o ambiente é um complexo de fatores físicos e biológicos, fazendo com que um organismo exista. Porém, no melhoramento genético animal, toda a variação advinda de origem não genética é considerada de causa ambiental. As principais são as condições climáticas, as nutricionais e efeitos maternos, sendo que as duas primeiras, sob certas circunstâncias, podem ser controladas, pelo menos em parte, ou pelo manejo ou pelas condições experimentais. Quanto aos efeitos decorrentes das influências maternas, as dificuldades de controle são maiores, consistindo do genótipo da mãe, idade da mãe, ordem do parto, ambiente geral e específico da mãe (GIANNONI & GIANNOMI, 1987).

Considerando que o ambiente de criação nos países fornecedores de material genético bovino é bastante diferente das condições de pastejo extensivo predominante no Brasil, e assumindo que há evidências de IGA entre diferentes países, e inclusive entre regiões do mesmo país, é de essencial importância investigar a presença da IGA no desempenho de bovinos criados no Brasil (CORRÊA et al., 2007).

Um ambiente é definido como um conjunto de elementos que exerce alguma influência sobre a expressão dos genótipos dos animais. No entanto, existe uma dificuldade para definir um ambiente, pois sua formação depende tanto de informações de variáveis conhecidas, como das desconhecidas e inexistentes nos bancos de dados (MATTAR et al., 2008).

Ao definir o ambiental, qualquer fonte de variação deverá ser considerada, já que todas as variáveis físicas, que podem definir o ambiente, interagem entre si, bem como o manejo dado aos animais (alimentação principalmente). Portanto, o ambiente não é apenas o local físico em que os animais estão sendo criados, diante disso, inúmeros pesquisadores têm investigado a IGA e definido a variável ambiental de diferentes maneiras. Fikse et al. (2003) testaram quinze variáveis para definir rebanho, manejo, constituição genética do rebanho e condições climáticas, combinado com regiões em que se encontravam os rebanhos de quatro países (Austrália, Canadá, Estados Unidos e África do Sul).

Cardoso et al. (2004) e Pimentel et al. (2004) definiram o ambiente como latitude geográfica, estudando estimativas de efeitos aditivos e não aditivos e suas interações com cruzamento Hereford x Nelore. Outra forma de definir o gradiente ambiental é definir a região, estado ou país de criação como efeito ambiental (TEIXEIRA et al., 2006; TORAL et al., 2004; LEE & BERTRAND, 2002; De MATTOS et al., 2000;). Mulder & Bijma (2005) consideraram dois tipos de ambiente para estimar a perda de ganho genético, devido à IGA: (a) o ambiente de seleção em que todos os animais candidatos à seleção são incluídos na análise; e (b) o ambiente de produção, composto de animais comerciais que não foram selecionados.

Cardoso et al. (2005) realizaram um dos primeiros trabalhos caracterizando o gradiente ambiental, com base em efeitos médios de grupos de contemporâneos (GC); e mais recentemente, utilizando a mesma definição, Ambrosini et al. (2013); Fernando & Tempelman (2012); Correa et al. (2009) e Mattar et al. (2011) incluíram nos GC a informação de criador, rebanho, ano de nascimento, estação de nascimento, entre outras variáveis.

De acordo com Jong & Bijma (2002), supõem-se três grandes vantagens tecnológicas em utilizar a informação da IGA e da SA: incremento no objetivo de seleção, independente de variações nos ambientes das gerações futuras; seleção específica para características de robustez em relação à sanidade e à produção; e seleção global, com definição dos méritos genéticos e ambientes de maior expressão desse mérito.

1.4. Definição do Gradiente Ambiental

O ambiente é todo conjunto de situações que influenciará, direta ou indiretamente, no desempenho animal. Em estudos nos quais os grupos de contemporâneos são considerados como os ambientes, define-se o gradiente ambiental como um intervalo calculado a partir dos efeitos médios das soluções dos grupos de contemporâneos (GC). Mais precisamente, serão os desvios médios das diferenças entre os GC, denotados por X, ou seja, significará as mudanças ambientais dentro do gradiente.

Inicialmente o gradiente ambiental é desconhecido, podendo defini-lo por meio das estimativas obtidas dos GC de um modelo animal, como realizado por Komoldin et al. (2002); Calus & Veerkanp (2003) e Cardsoso et al. (2005). E em seguida, utilizam-se

estas estimativas como covariável “conhecida” em um modelo de regressão aleatório para a obtenção das normas de reação. Entretanto, Su et al. (2006) propuseram estimar simultaneamente o gradiente ambiental e a norma de reação, ou seja, não sendo necessário utilizar os resultados dos efeitos ambientais estimados de uma análise prévia. Sendo assim, a informação considerada “desconhecida” no modelo proposto e as soluções para este efeito são usadas como covariáveis para obter a norma de reação.

A metodologia de norma de reação no estudo da IGA propõe que o ambiente seja classificado sobre uma escala (gradiente ambiental) e que as características possuam continuidade fisiológica sobre o ambiente (DE JONG & BIJMA, 2002), permitindo distinguir os genótipos em serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais. As classes ambientais ou nível de baixo, médio e alto manejo podem ser definidos, levando-se em consideração os desvios padrão das soluções dos GC ou estabelecendo um intervalo de credibilidade (IC) das informações.

1.5. Robustez e plasticidade fenotípica

A plasticidade fenotípica é qualquer tipo de variação desencadeada pelo ambiente, sem que mudanças genéticas sejam necessárias (BRADSHAW, 1965; SCHEINER, 1993; VIA et al., 1995). Robustez e plasticidade fenotípica estão relacionadas à IGA, e se diferentes genótipos têm norma de reação variada, então há ocorrência de IGA (De JONG & BIJMA, 2002). A robustez e plasticidade fenotípica são fatores evolutivos importantes, por constituir um mecanismo gerador de variabilidade, pois o genoma de um indivíduo é dinâmico e sofre alterações durante sua vida. Essas alterações podem ser herdadas através de mecanismos epigenéticos de modificações das histonas, como a metilação, ou seja, mudanças no genoma podem ser transmitidas para a próxima geração, ativando, desativando ou modificando a expressão de determinado gene ou característica.

Uma dada característica pode ser plástica para determinado fator ambiental, mas não a outro. Dessa forma, características distintas podem representar diferentes graus de sensibilidade ambiental. Por isso, a plasticidade não é propriedade geral do genótipo, mas é específica a características ou ao conjunto delas. Plasticidade fenotípica também retrata a habilidade de um organismo alterar sua fisiologia e/ou morfologia em decorrência de sua interação com o meio ambiente (SCHEINER, 1993).

A inclusão da plasticidade fenotípica em modelos usados no melhoramento genético pode ser importante em programas que produzem material genético para amplos ambientes de produção (De JONG & BIJMA, 2002). Na produção animal, mais especificamente, a pecuária de corte, uniformidade de carcaça e ponto de abate são características de extrema importância, principalmente para frigoríficos, que pagam de forma diferenciada (FERREIRA & PADULA, 2002). Assim, em virtude das constantes importações e exportações de material genético e à grande variabilidade de ambientes de criação no território brasileiro, evidencia-se a importância de selecionar reprodutores e matrizes capazes de produzirem progênies para ambientes específicos.

1.6. Metodologia para estudo da IGA

De acordo com Woltereck (1909), quando um organismo produz uma resposta fenotípica que varia como uma função contínua em relação ao ambiente ao qual está exposto, esta relação é chamada de normas de reação (NR). Schlichting & Pigliucci (1998) contribuem dizendo que as NR são um conjunto completo de trajetórias ontogênicas multivariadas, que pode ser produzido por um único genótipo, exposto a todos os ambientes biologicamente relevantes. Estes autores consideram a NR um modelo ideal para expressar e entender as interconexões entre as várias abordagens da evolução fenotípica, estudando os caminhos envolvidos na transição epigenética do genótipo para o fenótipo.

Segundo Stearns (1989), a NR pode ser definida como a variação dos fenótipos produzidos por um genótipo, como uma função de uma variação contínua ambiental, normalmente representada por uma linha ou curva num gráfico de mensuração de uma característica fenotípica contra um fator ambiental, ou seja, organismos geneticamente idênticos, sob condições ambientais diferentes podem apresentar características bastante distintas. Assim, o genótipo não determina apenas o fenótipo, mas sim uma gama de fenótipos possíveis (norma de reação). Portanto, todo um repertório de vias alternativas de desenvolvimento e metabolismo que podem ocorrer nos portadores de um dado genótipo, em todos os ambientes possíveis, favoráveis e desfavoráveis, naturais ou artificiais.

Uma das possibilidades de estudo da IGA tem sido através da correlação genética da mesma característica em diferentes ambientes. Quando uma característica, por exemplo, o peso a desmama, for medida em dois ambientes distintos, esta deverá ser

considerada, do ponto de vista genético e estatístico, como duas características diferentes. Falconer & Mackay (1996) citam que, se a correlação genética entre as observações da mesma característica em dois ambientes diferentes for igual a 1,0, é indicativo que o mesmo grupo de genes que afeta a expressão da característica em um ambiente também afetará no outro ambiente. Robertson (1959) diz que características medidas em ambientes distintos devem ser consideradas características diferentes e que as correlações genéticas entre elas devem ser igual ou menor a 0,80, para que seja considerada a IGA, pois acima desse valor não são consideradas causas de importância genética. Nesse tipo de metodologia, o ambiente deve ser dividido em um número limitado de subclasses, por exemplo, nível produtivo, rebanhos ou países, condições edafoclimáticas, entre outras. Utilizando este tipo de metodologia, vários autores (RORATO et al., 1998; TORAL et al., 2004; De MATTOS et al., 2000) evidenciaram a existência de IGA.

Modelos de regressão aleatória são descritos por Albuquerque (2004); Gomulkiewicz & Kirkpatrick (1992); Kirkpatrick & Heckman (1989); Kirkpatrick & Heckman (1990) e Schaeffer (2003) como aplicáveis no estudo de IGA. Os autores descrevem possibilidades da regressão da mensuração de uma característica numa variável ambiental, gerando uma norma de reação, bem como o uso de regressão aleatória e das funções de covariância como modelos para estimação de parâmetros de (co)variância.

Através da estatística e o uso dessas funções de covariância, o modelo de norma de reação pode ser generalizado para um número infinito de ambientes (ou caracteres), possibilitando estudar a norma de reação dos animais para variações gradativas no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (De JONG, 1995; FALCONER & MACKAY, 1996). A vantagem deste modelo é que a resposta da seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo o ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica (robustez ou plasticidade) às mudanças no ambiente (De JONG & BIJMA, 2002). Mesmo que este método inclua informação de uma variável dependente no modelo explanatório, tem a vantagem de discriminar os ambientes como mais ou menos favoráveis, e foi pioneiramente usado com sucesso para identificar IGA em bovinos de leite por Kolmodin et al. (2002).

De acordo com Su et al. (2006), o modelo de norma de reação (MNR) é adequado para descrever a IGA, em parte, porque pode acomodar um grande número de níveis ambientais com poucos parâmetros. Segundo Kolmodin (2003), a NR é estimada por uma regressão fixa dos valores médios fenotípicos da população em cada ambiente sobre o gradiente ambiental, a partir da qual a NR individual pode ser predita pela regressão aleatória dos valores fenotípicos de animais relatados no gradiente ambiental, supondo que o mesmo indivíduo não pôde ser medido em muitos ambientes.

Com a utilização de funções de covariância, obtidas via modelos de regressão aleatória, por meio dos quais se obtém a NR dos animais de acordo com as variações gradativas no ambiente de produção, pode-se identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental estudado. Em termos gerais, têm-se observado variações expressivas dos parâmetros genéticos em função do gradiente ambiental. A maior parte dos autores tem constatado maiores coeficientes de herdabilidade para características como peso e produção de leite, quando o gradiente ambiental se torna favorável e mais homogêneo (KOLMODIN & BIJIMA, 2004, CARDOSO, 2011, AMBROSINI et al., 2012).

De acordo com Cardoso et al. (2011), os parâmetros genéticos podem mudar no gradiente ambiental que os genótipos estão expostos, implicando maior proporção da variação fenotípica, devido a fatores genéticos em ambientes melhores. Assim, é de grande importância que contabilize essas variações com a finalidade de melhor identificar os animais geneticamente superiores, para determinadas condições ambientais. Nobre et al. (2003) ressaltaram que os modelos de regressão de aleatória fornecem, ainda, estimativas de diferença, esperada na progênie, mais acuradas que os modelos multicaracterísticos.

O modelo de norma de reação linear é uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do ambiente. Assim, cada animal terá um valor genético predito para cada ambiente.

Métodos que consideram a interação genótipos ambientes foram utilizados por vários pesquisadores nas mais variadas áreas zootécnicas: em bovinos de corte (AMBROSINI, 2012; CARDOSO, 2010; RODRIGUES, 2012), bovinos de leite (CALUS, 2006; SHARIATI, 2007), ovinos (POLLOTT e GREEFF, 2004), suínos (KNAP & SU, 2008), codornas de corte (SANTOS et al., 2008; GONÇALVES, 2011),

peixes (REIS NETO, 2012) e em abelhas (FAQUINELLO, 2010). Incluir o efeito de IGA nas avaliações genéticas pode favorecer a tomada de decisões no momento da seleção.

Não existe regra geral sobre a existência ou não da IGA, bem como a metodologia utilizada, assim como apresentado por Faria et al. (2011) que, analisando os efeitos de interação genótipo ambiente para touro-ano e touro-rebanho, não encontraram alteração nas classificações dos animais, e a não-inclusão destes efeitos nos modelos de avaliação genética não afetaria a seleção, baseada nas predições dos valores genéticos dos animais para o peso ao desmame em animais da raça nelore, em vários estados brasileiros. Ao contrário de Pegolo et al. (2011), avaliando o efeito de sexo e idade sobre o peso corporal para a mesma raça e característica, porém, sob diferentes efeitos, os quais encontraram diferenças significativas nas normas de reação dos animais.

Rodríguez & Guerra (2013), avaliando o Zebu em Cuba, encontraram diferenças nas herdabilidades e valores genéticos, quando considerados ambientes de baixo e alto desempenho. Estes autores recomendam que os animais sejam selecionados para os ambientes nos quais eles foram selecionados.

Ao avaliar o peso e a desmana em raças compostas em diferentes regiões do Brasil, Santana Jr et al. (2012) afirmam existir resposta diferenciada desta característica, dependendo do ambiente em que os animais são criados, e sugerem que as avaliações genéticas possam ser realizadas em cada região separadamente.

1.7. Referências

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão Aleatória: Nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5o., Pirassununga, SP, **Anais**..., 2004.

AMBROSINI, D.P. Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação. 2012. 81. **Dissertação** (Mestrado Zootecnia). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga-BA.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI Neto, J.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. e CARDOSO, F.F. Interação genótipo × ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

ASSOCIACAO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE – ABIEC. **Estatísticas**. [2012]. Disponível em: Acesso em 28/03/2012.

BÀRRIA, N.R. Limites geneticos de la selección artificial. **Avances en Producción Animal**, v.3, n.1-2, p.2-14, 1978.

BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in genetics**, New York, v.13, p.115–155, 1965.

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

CALUS, M.P.L. Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle. **PhD** Thesis, Wageningen University, Wageningen.

CARDOSO, F.F. & TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**. v.90, n.7, p.2130-41., 2012.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M. e TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science.** v.83, n8, p.1766- 1779, 2005.

CARDOSO, L.L. Hierarchical Baysian models for genotype x environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294- 300, 2011.

CARDOSO, L.L. Modelos de normas de reação para estudo da interação genótipo x ambiente. 2010. 65p. **Dissertação** (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

CARDOSO, V.; QUEIROZ, S.A. e FRIES, L.A. Predições de gerações avançadas da formação do Braford 1/2 a partir de estimativas de efeitos genotípicos e de suas interações com latitude sobre características pré e pós-desmama. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga,SP. **Anais...** Pirassununga, 2004.

CEZAR, I. M.; QUEIROZ, H.P.; THIAGO, L.R.L.S.; CASSALES, L.L.G. e COSTA, F.P. Sistemas de Produção de Gado de Corte no Brasil: uma descrição com ênfase no regime alimentar e no abate - Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, **(Documentos / Embrapa Gado de Corte, 151**) 40 p. 2005. Disponível em: http://www.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc_pdf/doc151.pdf. Acesso em: 22/04/2013.

CORREÂ, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-demama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468–1477, 2009.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Efeito da interação genótipo ambiente na avaliação genética de Bovinos de corte. **Revista Brasileira de Agrociência.** Pelotas, v.13, n.2, p.153-159, 2007.

DE JONG, G. & BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, Shannon, v.78, p.195-214, 2002.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **American Naturalist**, University of Chicago, USA, v.145, n.4, p.493-512. 1995.

DE MATTOS, D.; BERTRAND, J. K. e MISZTAL, I. Investigation of genotype x environment interactions for weaning weight for Herefords in three countries. **Journal Animal Science**, Champaign, v.78, n.8, p.2121-2126, 2000.

FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Longman Group Ltd., 1996.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**. v.86, p.293-298, 1952.

FAQUINELLO, P. Heterogeneidade de variâncias e interação genótipo - ambiente na avaliação genética em abelhas apis mellifera africanizadas para produção de geleia real. 2010, 94p. **Tese** (Doutorado Produção Animal), Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

FARIA, C.U.; TERRA, J.P.; YOKOO, M.J.I.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. e LÔBO, R.B. Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. **Acta Scientiarum. Animal Sciences** Maringá, v.33, n.2, p.213-218, 2011.

FERREIRA, G.C. & PADULA, A.D. Gerenciamento de cadeias de suprimento: novas formas de organização na cadeia da carne bovina do Rio Grande do Sul. **Revista de Administração Contemporânea** [online], vol.6, n.2, p.167-184. 2002.

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

GIANNONI, M.A. & GIANNONI, M.L. **Genética e melhoramento de rebanhos nos trópicos**. 2ed. São Paulo: Nobel, 1987.

GOMULKIEWICZ, R. & KIRKPATRICK, M. Quantitative genetics and the evolution of reaction norms. **Evolution**, Society for the Study of Evolution, Tempe, AZ USA, v.46, n.2, p.390-411. 1992.

GONÇALVES, F.M. Avaliação genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. 2011, 43p. **Dissertação** (Mestrado Zootecnia). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina.

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

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia Estatística**. Disponível em: http://www.ibge.gov.br. Acesso em: 02 out. 2013.

JARQUÍN, D.; CROSSA, J.; LACAZE, X.; DU CHEYRON, F.; DAUCOURT, J.; LORGEOU, J.; PIRAUX, F.; GUERREIRO, L.; PÉREZ, P.; CALUS, M.; BURGUEÑO, J. e LOS CAMPOS, G. A reaction norm model for genomic selection using highdimensional genomic and environmental data. **Theoretical and Applied Genetics**, v.127, p.595–607, 2014.

KING, R.; STANSFIELD W.D. e MULLIGAN, P.K. **A Dictionary of Genetics**. 7.ed. Nova Iorque: Oxford Univesity, 2006.

KIRKPATRICK, M. & HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, Wien, v.27, p.429-450, 1989.

KNAP, P.W. & SU, G. Genotype by environment interaction for litter size in pigs as quantified by reaction norms analysis. **Animal**, v.2, n.12, p.1742-1747, 2008.

KOLMODIN, R. & BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modelled as a linear reaction norm. **Genetics Selection Evolution**. v. 36, p. 435-454, 2004.

KOLMODIN, R. Reaction norms for the study of genotype by environment interaction in animal breeding. 2003. 35f. **Tese (Doutorado)** – Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, 2003.

KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN, JENSEN, J. e JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11–24, 2002.

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

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

MATTAR, M.; ALENCAR, M.M.; CARDOSO, F.F.; FERRAUDO, A.S.; SILVA, L.O.C. e ESPASANDIN, A.C. Utilização de técnicas estatísticas multivariadas para definição de ambiente de produção do peso ao sobreano para o estudo da interação genótipo-ambiente em bovinos Canchim In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 45., 2008, Lavras. **Anais...** Lavras, 2008. (CD-ROM Melhoramento).

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M. e CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal of Animal Science.** v.89, n.8, p.2349-2355, 2011.

MULDER, H.A. & BIJMA, P. Effects of genotype x environment interaction on genetic gain in breeding programs. **Journal of Animal Science**, v.83, n.1, p.49-61, 2005.

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O. e LOPES, P.S. Genetic evaluation of growth in Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, n.4, p.927-932, 2003.

PEGOLO, N.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B. e DE OLIVEIRA, H.N. Effects of sex and age on genotype × environment interaction for beef cattle body weight studied using reaction norm models. **Journal Animal Science**, v. 89, p. 3410-3425, 2011.

PEGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F. e LOBO. R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetic Molecular Biology**. v.32, n.2, p.281–287, 2009.

PIMENTEL, E.C.G.; QUEIROZ, S.A.; CARVALHEIRO, R.; CARDOSO, V. e FRIES, L.A. Heterose, epistasia e interação genótipo-ambiente em gerações avançadas de animais cruzados. **In:** SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL 5, 2004, Pirassununga - SP. **Anais...** Pirassununga, 2004.

POLLOTT, G.E. & GREEFF, J.C. Genotype x environment interactions and genetic parameters for fecal egg count and production traits of Merino sheep. **Journal of Animal Science**, v.82, n.10, p.2840-2851, 2004.

REIS NETO, R.V. Avaliação genética das características morfométricas de tilápias do Nilo, variedade GIFT, sob seleção para ganho de peso. 2012. 76p. **Tese.** Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

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

RODRIGUES, D.T. Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação. 2012. 86p. **Dissertação** (Mestrado Estatística Aplicada e Biometria). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

RODRIGUES, F.B. Interação genótipos ambientes em bubalinos (*Bubalus Bubalis*) da raça mediterrâneo via normas de reação. 2014. 60p. **Tese** (Doutorado Zootecnia). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga-BA.

RODRÍGUEZ, Y. & GUERRA, D. Evidence of genotype-environment interaction for final live weight in the performance test of the Cuban Zebu. **Cuban Journal of Agricultural Science**, v.47, n.1, p.13-17, 2013.

RORATO, P.R.N.; VERNEQUE, R.S.; MARTINEZ, M.L.; FERREIRA, G.B. e VALENTE, J. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.29, n.4, p. 717-720,1998.

SANTANA JR. M.L.; ELER, J.P.; CARDOSO, F.F.; ALBUQUERQUE, L.G.; BIGNARDI, A.B. e FERRAZ, J.B.S. Genotype by environment interaction for birth and

weaning weights of composite beef cattle in diferente regions of Brazil **Livestock Science**, v.149, n.3, p.242–249, 2012.

SANTOS, G. G.; CORRÊA, G. S. S.; VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; FELIPE, V. P. S. e WENCESLAU, R. R. Sensibilidade dos valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteínas das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, n.1-3, p.35-45, 2004.

SCHEINER, S.M. Genetics and evolution of phenotypic plasticity. **Annual Review of Ecologic Systens,** Palo Alto, v.24, p. 35-68, 1993.

SCHLICHTING, C.D. & PIGLIUCCI, M. Phenotypic Evolution: A Reaction Norm Perspective, **Sinauer Associates**, 1998, 387 p.

SHARIATI, M.M. Statistical aspects and application of reaction norm models. Copenhagen; UC, 2007.101p. **Tese (PhD)** – University of Copenhagen, 2007.

SILVA, F.F.; MULDER, H.A.; KNOL, E.F.; LOPES, M.S.; GUIMARAES, S.E.F.; LOPES, P.S.; MATHUR, P.K.; VIANA, J.M.S. e BASTIAANSEN, J.W.M. Sire evaluation for total number born in pigs using genomic reaction norms approach. **Journal Animal Science**. v.92, n.9, p.3825-34, 2014.

SOUZA, L.A. Interações genótipos ambientes em bovinos da raça tabapuã na região nordeste do Brasil obtidas por normas de reação. 2014. 80p. **Tese** (Doutorado Zootecnia). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga-BA.

STEARNS, S.C. The evolutionary significance of phenotypic plasticity. **BioScience**, v.39, p.436- 445, 1989.

STREIT, M.; WELLMANN, R.; REINHARDT, F.; THALLER, G.; PIEPHO, H.P. e BENNEWITZ, J. Using genome-wide association analysis to characterize environmental sensitivity of milk traits in dairy cattle. **G3 (Bethesda).** v.3, n.7, p.1085-93, 2013.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R. e JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, n.7, p.1651-1657, 2006.

TEIXEIRA, N.M.; FREITAS, A.F.; FERREIRA, W.J.; DURÃES, M.C. e BARRA, R.B. Ajustamento para heterogeneidade de variância na produção de leite de vacas da raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.369-375, 2002.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N.; GONDO, A. e SIMONELLI, S.M. Interação Genótipo x Ambiente em Características de Crescimento de Bovinos da Raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

VIA, S.; GOMULKIEWICS, R.; DE JONG, G.; SCHEINER, S.M. e VAN TIENDEREN, P.H. Adaptive phenotypic plasticity: consensus and controversy. **Trends in ecology and evolution**, Amsterdam, v.10, p.212- 217, 1995.

WOLTERECK, R. Weitere experimentelle Untersuchungen über Artveränderung, speziell über das Wesen quantitativer Artunterschiede bei Daphnien. **Verhandlungen der deutschen zoologischen Gesellschaft**, Stuttgart, v19. p. 110–173. 1909.

II - OBJETIVOS GERAIS

Avaliar as interações genótipos ambientes nas características: pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade (P205, P365 e P550), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de parto (IDP), mediante o estudo de normas de reação ao ambiente, obtida por regressão aleatória, usando uma abordagem bayesiana.

III - CAPÍTULO I:

Interação genótipos x ambientes em características reprodutivas do Nelore no Nordeste do Brasil

Resumo – Objetivou-se investigar a interação entre genótipos e descritores ambientais na idade ao primeiro parto (IPP) e no intervalo de partos (IDP) em bovinos Nelore no Nordeste do Brasil. Cinco modelos foram implementados e comparados, usando o Critério de informação da Deviance (DIC); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB). Os modelos utilizados foram o modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA; e quatro modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR). A comparação de modelos evidenciou o modelo hierárquico de norma de reação heterocedástico um passo com melhor ajuste para as características. As herdabilidades foram menores nos piores ambientes e aumentaram à medida que o ambiente melhorou (0,06 a 0,12, para IPP; e de 0,01 a 0,03, para IDP, nos ambientes baixo e alto, respectivamente). As correlações entre o intercepto e a inclinação da norma de reação para IDP e IPP foram de média a alta magnitude (0,75±0,10 e 0,90±0,04, respectivamente), indicando que os animais de maior valor genético médio foram os que apresentaram maior resposta à melhoria das condições ambientais, caracterizando o efeito de escala da IGA e reclassificação dos animais. A maioria dos touros apresentou-se robustos à variação ambiental, entretanto, quando se considera os touros com maior número de filhas, evidencia-se IGA, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para IPP e, em menor magnitude, para IDP. As tendências genéticas evidenciaram que a seleção para IPP em ambientes específicos, médio e alto, leva a maiores ganhos genéticos que o modelo animal usual.
Palavras-chave: bovino de corte, sensibilidade ambiental, avaliação genética, idade ao primeiro parto, intervalo de partos, normas de reação.

Genotype x environments interactions of reproductive in Nellore traits in Northeast Brazil

Abstract – The objective was investigate the interaction between genotypes and continuing environmental descriptors in the age at first calving (AFC) and calving interval (CI) in Nellore cattle in northeastern Brazil. Five models were implemented and compared using the information criterion of Deviance (DIC); Deviance based on Conditional Predictive Ordinate (CPO) and the Deviance based on Bayes Factors (FB). The models used were a standard animal model (AM), which ignores the IGA and four hierarchical reaction norms models (RNHM). The model comparison showed the reaction norm hierarchical models heteroscedastic one-step better adjusted to the traits. The heritability were lower in the harshest environments and increased as the creation

of conditions improved (0.06 to 0.12 in IPP and from 0.01 to 0.03 for IDP for low and high environments, respectively). The correlations between the intercept and the slope of the reaction norm for IDP and IPP was the high magnitude average (0.75 ± 0.10 and 0.90 ± 0.04 respectively), indicating that the highest average genetic merit animals showed the greatest response to the improvement of environmental conditions, characterizing the scale effect of the IGA and re-ranking of animals. Most sires showed up robust at environmental variation, however when considering the sires with more daughters, it is clear GEI, being observed classification changes and/or scale effect for IPP and, to a lesser magnitude, for IDP. The genetic trends evidenced that selection for IPP specific environments, medium and high, leads to higher genetic gains than usual animal model.
Key words: age at first calving, beef cattle, calving interval, environmental sensitivity, genetic evaluation, reaction norms

Introdução

A presença da IGA caracteriza-se pela resposta diferenciada dos genótipos às variações ambientais, determinando a extensão na qual os genótipos serão expressos (FALCONER e MACKAY, 1996). A sensibilidade ambiental (SA) é definida como a extensão das modificações no fenótipo, causada pelos diferentes ambientes, ou seja, o ambiente influenciará diretamente no genótipo, sendo o fenótipo o resultado dessa interação. Os diferentes graus de sensibilidade ambiental definem genótipos plásticos (com maior sensibilidade) ou robustos (com menor sensibilidade). Assim, existe a possibilidade que o melhor genótipo, em determinado ambiente, não o seja em outro, porque a expressão fenotípica de uma característica depende da constituição genética do animal, do ambiente em que ele será exposto e da sensibilidade destes animais às alterações ambientais (FALCONER, 1996).

Morales & Cavestany (2012) destacam que o desempenho reprodutivo é determinante na produção de bovinos de corte. Características como a idade ao primeiro parto (IPP) e o intervalo de partos IDP estão relacionadas à taxa de natalidade e à longevidade produtiva das vacas. Quanto mais jovem a novilha tenha o primeiro parto, mais rápido o retorno do investimento feito pelo pecuarista na criação e manutenção desse animal até a idade reprodutiva. Por sua vez, intervalos de partos menores resultarão em maior retorno sobre os custos fixos e operacionais envolvidos no rebanho (PEROTTO et al., 2006a; PEROTTO et al., 2006b).

Contudo, características reprodutivas, em geral, apresentam baixa herdabilidade e difícil mensuração, e a seleção para precocidade sexual nas fêmeas não é simples (BOLIGON, et al., 2008). Isso é mais evidente na idade ao primeiro parto (IPP) e

intervalo de partos (IDP), visto que estas dependem do manejo empregado. Exemplo disso é o fato de técnicos e produtores determinarem uma idade ou um peso para que as fêmeas iniciem sua vida reprodutiva, ocasionando aumento dos parâmetros reprodutivos (PEREIRA, et al., 2000; DIAS et al., 2004).

Atualmente, no Brasil, os principais programas de melhoramento genético de bovinos de corte estimam os componentes de (co)variância por máxima verossimilhança restrita (REML), em um modelo animal, com predição dos valores genéticos, por meio de melhores preditores lineares não viesados. Nessas avaliações, a pressuposição assumida é a ausência de interação genótipos x ambientes (IGA), ou seja, não são consideradas quaisquer diferenças no comportamento de um mesmo genótipo em condições diferentes de produção (DIAZ et al., 2011).

Apesar da idade ao primeiro parto e intervalo entre partos serem influenciados por fatores ambientais, principalmente na bovinocultura extensiva, é possível encontrar trabalhos que apresentem variabilidade para estas características. Há registros de estimativas de herdabilidade para IPP, variando de 0,05 a 0,46 (PEREIRA et al., 1991; GUTIERREZ, et al., 2002; AZEVÊDO, et al., 2006; CASTRO-PEREIRA et al., 2007; BOLIGON et al., 2008; NEPOMUCENO, et al., 2012). Para o IDP, a variação da herdabilidade entre rebanhos é considerável, 0,01 a 0,32 (CAMPELLO et al., 1999; DAL ZOTTO, et al., 2007; AZEVÊDO, et al., 2006; GUTIERREZ et al., 2007; YAGUE et al., 2009; NEPOMUCENO, et al., 2012).

Assim, torna-se necessário avaliar a interação genótipos x ambientes sobre estas características. Isso é especialmente importante na região Nordeste do Brasil, em virtude de possuir uma gama enorme de variações climáticas. Já existem alguns trabalhos de IGA em características reprodutivas no Brasil (DIAZ, et al. 2011; MATTOS, et al. 2013; SILVEIRA, et al. 2014), mas ainda não existem trabalhos sobre este assunto que abordasse toda a região Nordeste do Brasil e principalmente em Nelore.

Dessa forma, objetivou-se avaliar a existência de interação genótipos x ambientes, estimar parâmetros e tendências genéticas nos diferentes ambientes, para as características idade ao primeiro parto e intervalo de parto, em bovinos da raça Nelore, na região Nordeste do Brasil.

Material de métodos

Foram utilizados registros cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) de animais da raça Nelore, nascidos entre 1974 e 2011, no Nordeste do Brasil. Para a realização das análises, as informações de idade ao primeiro parto (IDP) e intervalo de partos (IPP) das fêmeas foram extraídas de um banco de dados com 56401 registros. As médias fenotípicas observadas para IPP e IDP para o Nelore foram de 1449,59±436,21 e 648,87± 301,23 dias, respectivamente.

A preparação, formatação e descrição dos dados foram realizados com rotinas criadas por Cardoso (2008), no programa SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.2). Para ambas as características, foram mantidos apenas registros que possuíssem informação de IDP e IPP, respectivamente, bem como apenas grupos de contemporâneos (GC) com no mínimo 10 observações, dois filhos por touro e desvio padrão da característica menor que três (Tabela 1). Após as análises de conectabilidade (com no mínimo 10 laços genéticos) no programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006), foi mantido apenas o arquipélago principal com animais conectados em 372 GC, para o IDP; e 335 GC, para o IPP. Devido à repetibilidade do IDP, o arquivo final para esta característica consistiu de 10031 registros, pertencentes a 4286 vacas (Tabela 1).

Tabela 1 – Descrição dos critérios utilizados para descarte das observações.

Restrições	IDP	IPP
Arquivo inicial	56401	56401
Vacas sem registro de IDP ou IPP	36152	42797
Registros duplicados	5995	4
IDP entre 365 e 1900 dias; IPP entre 700 ou >3000 dias.	5672	97
GC <10 (observações), IPP e IDP (+3 DP)	3899	7497
Touros < 2 progênies	205	302
Animais fora do arquipélago 1	192	109
Arquivo final	**4286**	**5595**
Total de indivíduos na matriz de parentesco	**7657**	**9412**
Total de registros	10031	5595

Devido à enorme variação climática existente no Nordeste do Brasil, os GC foram formados a fim de proporcionar um ambiente mais homogêneo possível, de acordo com o rebanho, ano de nascimento do bezerro (apenas para IDP), ano de nascimento da vaca (apenas para IPP), época de nascimento dos bezerros e das vacas. E a maioria das vacas foi criada em sistema exclusivamente a pasto. As épocas de nascimento para bezerros e vacas foram agrupadas em quatro classes: junho, julho e

agosto; setembro, outubro e novembro; dezembro, janeiro e fevereiro; março, abril e maio.

O programa INTERGEN ajusta modelos hierárquicos de Bayes, ou seja, com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados, que contemplem a diversidade de situações comuns em dados de desempenho animal. No caso dos modelos de normas de reação, o valor genético do animal é obtido por uma função do nível ambiental médio, correspondente à solução do GC, ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental, há um valor genético específico de cada animal (CARDOSO, 2005).

O Programa INTERGEN1.2 (CARDOSO, 2010) foi inicialmente utilizado com um modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA para estimar o valor genético e obter as estimativas dos efeitos médios ambientais, com base nos grupos de contemporâneos:

IDP: $y_{ij} = x_j' + X_i + a_j + ep_j + e_{ij}$ [1]

IPP: $y_{ij} = x_j' + X_i + a_j + e_{ij}$ [2]

Em que y_{ij} é o registro fenotípico do animal j no ambiente i; x_i' é o vetor de incidência; X_i é o efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i valor genético aditivo do animal j; ep_i é efeito de ambiente permanente materno (apenas para IDP) e, e_{ij} é o erro residual.

Alternativamente às equações [1 e 2], duas metodologias foram propostas para estimar as sensibilidades ambientais de diferentes genótipos, utilizando modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR). Nesses modelos, o valor genético é expresso em função de uma covariável ambiental (FALCONER, 1990). O modelo mais comumente utilizado é baseado em dois passos (CALUS et al., 2002; KOLMODIN et al., 2002), nos quais utilizam as estimativas do MA como covariáveis "conhecidas" em um modelo de regressão aleatória, chamado aqui de modelo hierárquico norma de reação com dois passos ($MHNR_{2P}$):

IDP: $y_{ij} = x_j' + \phi\hat{X}_i + a_j + ep_j + b_j\hat{X}_i + e_{ij}$ [3]

IPP: $y_{ij} = x_j' + \phi\hat{X}_i + a_j + b_j\hat{X}_i + e_{ij}$ [4]

Em que; ϕ coeficiente de regressão fixo; a_j valor genético aditivo do intercepto ou nível da norma de reação do animal j; b_j coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação do animal j no ambiente representando por $\hat{X}_i$; $\hat{X}_i$ preditor de X_i obtido no [1 e 2].

No entanto, este modelo de dois passos tem a limitação de usar esta estimativa prévia conhecida, $\widehat{X}_i$ (soluções dos GC no MA), no lugar de uma covariável verdadeira "desconhecida", X_{ji}. De acordo com Su et al. (2006), tratando estas variáveis ambientais como conhecidas, podem ocasionar uma subavaliação da incerteza e também a predições tendenciosas do mérito genético, devido a diferenças genéticas dos rebanhos. Para superar essa limitação, estes autores propuseram o modelo hierárquico norma de reação um passo ($MHNR_{1P}$) que, apesar da semelhança com o modelo anterior [3 e 4], apresenta processo de estimação diferente e simultâneo para as soluções dos GC e norma de reação.

Neste modelo, os efeitos de GC são considerados como covariáveis desconhecidas no modelo de norma de reação, no qual as estimativas para os efeitos ambientais foram usadas como covariável para obter a inclinação das normas de reação dos animais, em que é X_i e b_j são conjuntamente estimados como no modelo abaixo:

IDP: $y_{ij} = x'_j + X_i + a_j + ep_j + b_jX_i + e_{ij}$ [5]

IPP: $y_{ij} = x'_j + X_i + a_j + b_jX_i + e_{ij}$ [6]

Se é aceitável a heterogeneidade de variância genética, por que não aceitar que existe heterogeneidade de variância residual também. Assim, propomos duas diferentes pressuposições acerca da variância residual: (a) homocedasticidade para MA, $MHNR_{2P}$ ($MHNRHO_{1P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHO_{2P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heterocedasticidade para os modelos $MHNR_{2P}$ ($MHNRHE_{2P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHE_{1P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

As estimativas das tendências genéticas no modelo animal padrão e nos ambientes baixo, médio e alto do MNR com melhor ajuste para as características avaliadas foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos) sobre o ano de nascimento, por meio do SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.2).

Para obtenção das estimativas de todos os parâmetros, foi utilizado o amostrador de Gibbs, por meio do método de MCMC. Para os modelos heterocedástico, foi necessária a aplicação de um passo extra (Metropolis-Hastings).

Para a realização das análises no programa INTERGEN 1.2, todas as cadeias de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) foram implementadas, utilizando-se cadeias que variaram de 110 mil e 550 mil ciclos, dependendo da complexidade dos modelos. O seguinte procedimento foi adotado: a) Rodou-se uma análise piloto com

55000 ciclos, 5500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) usando o arquivo resposta '*varcompsam'*, e o pacote do programa R – *Bayesiam Output Analysis* – BOA (SMITH, 2007), aplicou-se o teste Raftery e Lewis (1992) para determinar um novo tamanho de cadeia e período de salvamento.

Os valores dos componentes de variância foram apresentados utilizando a média *posteriori* das análises e, para o cálculo das herdabilidades e valores genéticos, o gradiente ambiental foi definido utilizado um intervalo de credibilidade de 99% das soluções do GC. Assim, as amplitudes das soluções dos GC (X_i) variaram de -131,9 a 321,6 dias, para IDP; e -357,2 a 619,5 dias, para IPP. A um limite de confiabilidade de 99%, as estimativas de valores genéticos e herdabilidade foram realizadas entre os intervalos de -121 a 215 dias e -283 a 341 dias, para IDP e IPP, respectivamente. Estas amplitudes representaram os ambientes de baixo a alto manejo, sendo o valor zero o ambiente médio.

O diagnóstico de convergência foi checado, utilizando o teste Geweke (1992) para todos os parâmetros e diferentes modelos. Este teste se baseia em um teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p\left(\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i\right)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%).

Três critérios foram utilizados para verificar o modelo de melhor ajuste: Critério de Informação da Deviance (DIC) (SPIEGELHALTER et al., 2002); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO), como descrito por Gelfand (1996) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB), descrito como o desvio com base no estimador de Monte Carlo, proposto por Newton e Raftery (1994). Esses desvios representam o grau de afastamento do modelo avaliado em relação a um modelo de ajuste hipotético perfeito, e menores valores indicam melhor ajuste.

Para valores de inclinações (b_j) próximos a zero, o valor genético (g_j) será relativamente constante no gradiente ambiental (X_i). Então, esses reprodutores têm um genótipo robusto às mudanças ambientais, enquanto que os genótipos plásticos são aqueles que alteram substancialmente o seu desempenho no gradiente ambiental, ou seja, valore elevados de b_j (FALCONER, 1990). De acordo com o desvio padrão das inclinações de cada característica, os genótipos dos animais foram classificados em: extremamente robusto ($|b_j| < \sigma_b$), robusto ($\sigma_b \leq |b_j| \leq 2\sigma_b$), plástico ($2\sigma_b \leq |b_j| \leq 3\sigma_b$) e extremamente plástico ($|b_j| \geq 3\sigma_b$).

A correlação de Spearman foi calculada para comparar a classificação dos reprodutores no modelo animal e pelo modelo de norma de reação, de acordo com o gradiente ambiental.

Resultados e Discussão

Utilizando o teste Geweke (2002), obteve-se convergência (p>0,05) para todos os parâmetros do modelo animal padrão (MA) nas duas características. Para os modelos de normas de reação heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$), em ambas as características, obteve-se convergência a 5% (p>0,05), para a maioria dos componentes, e a 1% (p>0,01), para a variância do intercepto e, para a variância da correlação entre o intercepto e a inclinação da norma de reação apenas, para o IDP. Os modelos com 2 passos não convergiram.

O modelo de melhor ajuste, para as duas características, foi o modelo hierárquico de normas de reação heterocedástico um passo (Tabela 2), corroborando os resultados de simulação obtidos por Su et al. (2006). Estes autores citam que a estimação conjunta dos parâmetros desconhecidos é uma abordagem mais efetiva do que usar efeitos ambientais, estimados previamente pelo modelo animal, como covariáveis em modelos de norma de reação.

Tabela 2 – Critério de Informação da Deviance (DIC); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB), no modelo animal padrão (MA) e nos modelos hierárquicos de normas de reação: homocedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) e heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$).

Modelo	Características	DIC	CPO	FB
MA	IDP	74767,06 [2]	62178,01 [2]	61046,90 [2]
$MHNRHO_{1P}$	IDP	77485,08 [3]	62850,80 [3]	61961,20 [3]
$MHNRHE_{1P}$	IDP	72049,03 [1]	61505,01 [1]	60132,60 [1]
MA	IPP	100113,88 [2]	84629,44 [2]	83304,19 [2]
$MHNRHO_{1P}$	IPP	102037,67 [3]	85640,50 [3]	84680,89 [3]
$MHNRHE_{1P}$	IPP	98190,09 [1]	83618,39 [1]	81927,48 [1]

1,2 3 indicam o melhor ajuste.

A média *posteriori* observada da correlação entre intercepto e inclinação da norma reação ($r_{a,b}$) foi alta para IPP (0,90±0,04) e moderada para IDP (0,75±0,10) (Tabela 3). Essas altas correlações evidenciam que animais com maior valor genético médio, para um determinado ambiente, tendem a demonstrar maior valor genético em ambientes favoráveis. Assim, observa-se efeito de escala para as duas características,

mas maior reclassificação para IDP, visto que altas correlações são indicativos de presença de IGA com efeito de escala, já correlações mais baixas indicam IGA complexa com reclassificação dos animais.

Tabela 3 – Média *posteriori* e desvio padrão da variância genética, residual e herdabilidade, correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação e mínimo e máxima das inclinações.

Característica	Gradiente Ambiental	Variância Genética	Variância Residual	Herdabilidade	Correlação	Inclinação	
						Min	Max
IPP	MA	10963 ± 5015	161281 ± 5505	0,06 ± 0,03			
IPP	-121	2418 ± 649	37675 ± 1621	0,06 ± 0,03			
IPP	0	11365 ± 3522	110064 ± 2897	0,09 ± 0,02	0,90 ± 0,04	-0,55	0,36
IPP	215	59329 ± 14965	400550 ± 60321	0,13 ± 0,03			
IDP	MA	2547 ± 732	86090 ± 2105	0,02 ± 0,01			
IDP	-281	923 ± 369	45341 ± 1747	0,01 ± 0,01			
IDP	0	1308 ± 146	70593 ± 2496	0,01 ± 0,01	0,75 ± 0,10	-0,63	0,48
IDP	341	15442 ± 3462	482091 ± 67928	0,03 ± 0,02			

A variância genética ($\sigma_A^2|h_i$) oscilou de 2418 a 59329, para IPP; e 923 a 15442, para IDP (Tabela 3). As estimativas de herdabilidade média a *posteriori* ($h_A^2|h_i$) foram de 0,06±0,02, para IPP; e 0,02±0,007, para IDP, no modelo animal (MA) (Figura 1A). Para a IPP, as estimativas h^2 do MHNR aumentaram com a melhoria ambiental, principalmente nos efeitos de GC positivos (h_i > 0). Para o IDP, as herdabilidades estimadas por MHNR foram inferiores ao MA, em todos os níveis ambientais (Figura 1B). Caetano et al. (2013) e Yooko et al. (2012), utilizando modelo animal padrão, estimaram herdabilidades de 0,16±0,01 e 0,11±0,03, respectivamente, para IPP e IDP, na raça nelore no Estado de São Paulo. Por outro lado, Malhado et al. (2010), trabalhando com dados da raça Nelore na Região Norte do Brasil, encontraram valores próximos aos apresentados para o modelo animal, para a IPP (0,05±0,01). Chiaia et al. (2015), estudando a IGA para a IPP na raça nelore com um conjunto de dados em diferentes estados do Brasil, encontraram grande variação na estimativa de herdabilidade do ambiente baixo para alto 0,09 a 0,50, evidenciando maior variabilidade para esta característica.

Discrepâncias nos parâmetros genéticos, observados em diferentes trabalhos com características reprodutivas, podem ser atribuídas a diferenças nas escalas utilizadas para a pontuação de condição corporal, definição do modelo estatístico, raças

envolvidas, número de registros disponíveis por animal, precisão e consistência entre os avaliadores e procedimentos de coleta e edição de dados (DAL ZOTTO, et al., 2007). Outro fator que pode contribuir para a estimação de variâncias genéticas de pequena magnitude é esperar a novilha alcançar determinada idade ou peso para entrar em reprodução (LAUREANO et al., 2011) e/ou a baixa utilização de técnicas de reprodução. Isso acaba mascarando a variabilidade existente, alterando os parâmetros genéticos e dificultando a identificação de animais verdadeiramente precoces.

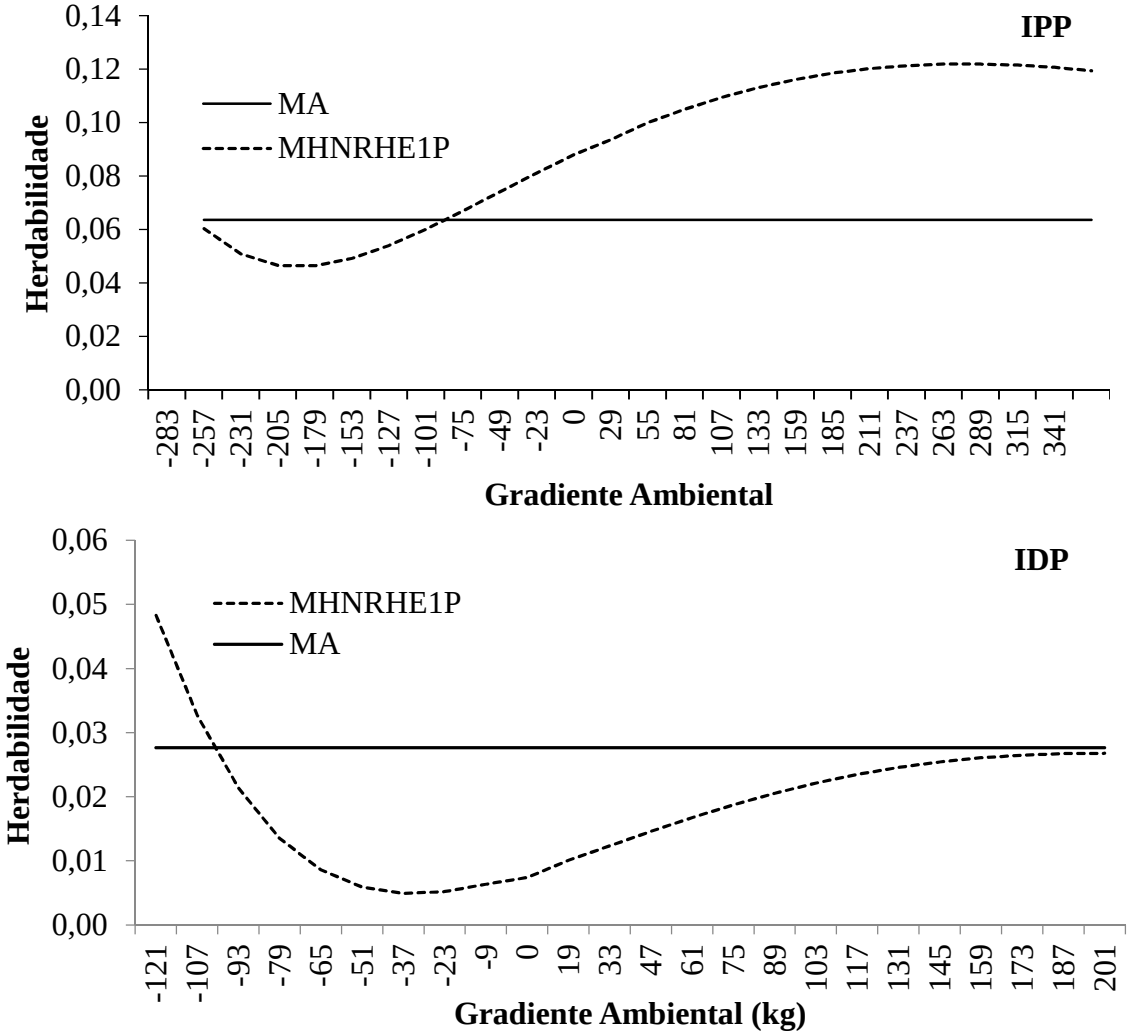


Figura 1 – Herdabilidade para as características Idade ao Primeiro Parto (A) e Intervalo de Partos (B) nos modelos propostos no gradiente ambiental.

Para reduzir a IPP e a IDP, a estratégia de seleção para precocidade reprodutiva deve ser bem elaborada, com identificação de “linhagens” da raça Nelore sexualmente mais precoces (FERREIRA et al., 2006). Fries & Albuquerque (1999) colaboram afirmando que, para se obter melhores índices reprodutivos, o ideal é manter as matrizes

com boa condição corporal antes e após o parto. O valor de herdabilidade para IPP aumenta nos melhores ambientes, permitindo selecionar melhores reprodutores para uso nestes ambientes. Isso, em conjunto com a melhoria do manejo geral, poderá levar a ganhos. Já a herdabilidade para o IDP apresentou-se bastante reduzida, indicando que melhorias no manejo podem proporcionar ganhos fenotípicos, assim como apontado por Malhado et al. (2009).

Os resultados deste trabalho estão de acordo com o estudo de Kolmodin et al. (2004), que sugeriram uma maior resposta à seleção utilizando modelos de normas de reação, especialmente, quando esta seleção é praticada nos melhores ambientes. Outros trabalhos com modelos de normas de reação com gado de corte (AMBROSINI et al., 2012, 2014a e b; PEGOLO et al., 2009; MATTAR et al., 2011) e gado de leite (KOLMODIN et al., 2002; SHARIATI et al., 2007) estimaram herdabilidades superiores às estimativas de modelo animal padrão, com elevação das herdabilidades em ambientes favoráveis. De acordo com Cardoso & Tempelman (2012), esses resultados demonstram o potencial desses modelos para melhorar a precisão da avaliação genética sob IGA.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos dos reprodutores para o MHNR, nos ambientes baixo, médio ou alto, demonstraram a ocorrência de reclassificação dos animais, de acordo com o ambiente no qual eles foram avaliados (Figura 2). As linhas representam a correlação dos ambientes baixo, médio e alto com todos os outros ambientes.

As correlações entre ambientes variaram de 0,18 a 99 para IPP e -0,87 a 99 para IDP (Figura 2). Para IDP, as correlações entre os valores genéticos atingiram valores altos e negativos. Alta correlação positiva para alta negativa, ou vice e versa, foram relatadas por Strandberg et al. (2009) em características produtivas e reprodutivas na raça Holandesa. O mesmo foi observado por Santana Jr et al. (2012) para o peso a desmama em bovinos compostos. De acordo com Corrêa et al. (2009), estas estimativas de correlação negativas indicam que a genética necessária para a produção não é a mesma nos diferentes ambientes, principalmente comparando os ambientes de baixo e alto manejo.

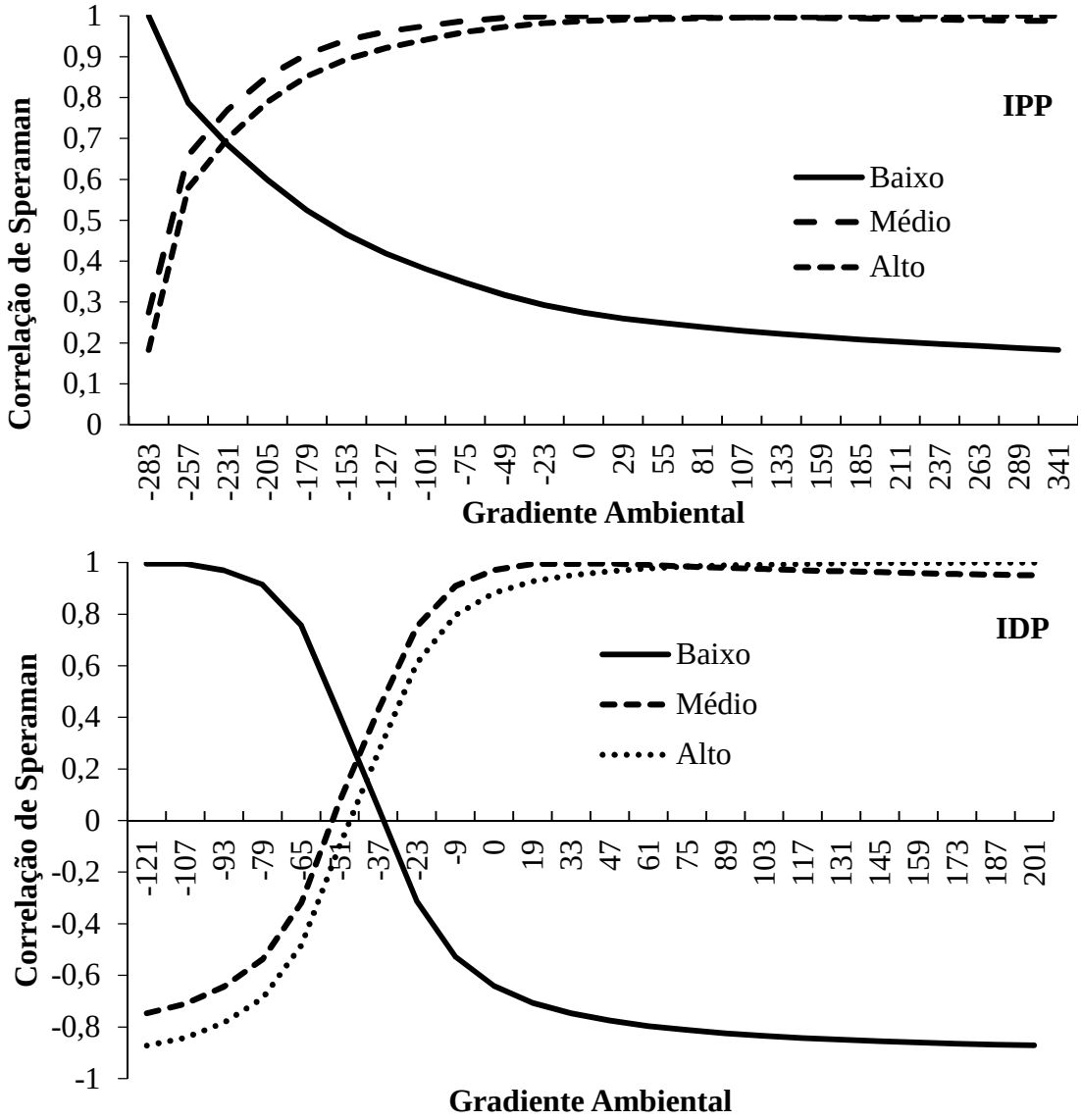


Figura 2 – Correlações de Spearman entre os valore genéticos preditos dos reprodutores para a idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) em bovinos Nelore. As linhas indicam as correlações entre os ambientes baixo (-283 e -121 para IPP e IDP, respectivamente), médio (0) e alto (341 e 201 para IPP e IDP, respectivamente) e todos os ambientes.

A correlação entre os ambientes médio e alto foi acima de 0,80 para as duas características. Isso é corroborado pelo comportamento semelhante das linhas de correlações do médio e alto com todos os outros ambientes, o que indica que melhores animais no ambiente médio também podem demonstrar o melhor desempenho no ambiente alto. No entanto, o ambiente baixo apresentou correlações de baixa magnitude com ambientes médio e alto (acima dos 19 dias). A existência da IGA sugere que avaliações genéticas sem a sua consideração podem levar à utilização equivocada de

reprodutores, principalmente se utilizados reprodutores do ambiente baixo no médio e alto.

As linhas de normas de reação dos 10 reprodutores com número de filhos (TOP 10) reforçam a presença de IGA pela inversão de classificações (Figura 3). Foi evidenciando efeito de escala com as diferenças entre os valores genéticos dos animais, acentuando-se nos melhore ambientes. Ao identificar a IGA e sua intensidade, é possível identificar potenciais reclassificações dos reprodutores em todo gradiente ambiental, prevendo o desempenho dos animais em diferentes ambientes, permitindo o uso de reprodutores adequados a cada sistema de produção.

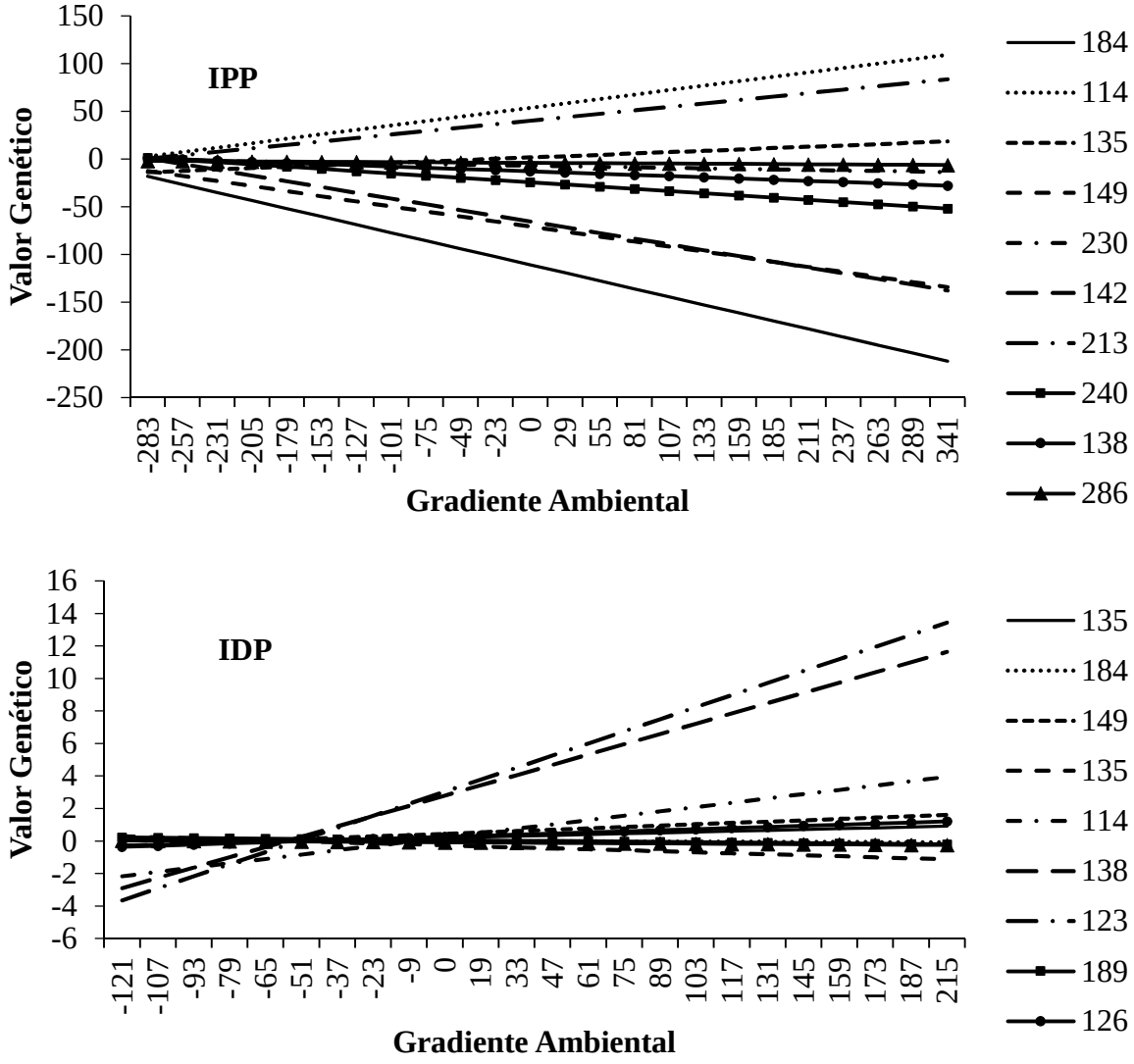


Figura 3 – Normas de reação ao longo do Gradiente ambiental para as características Idade ao Primeiro Parto e Intervalos de Partos obtidos para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

Também se observaram IGA complexa com mudança de classificação de animais, principalmente nos ambientes baixos e médios. Animais com maiores valores genéticos responderam à melhoria ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade e mais responsivos. A variação das inclinações da norma de reação está diretamente relacionada com a importância de IGA e reflete a sensibilidade ambiental.

A maioria dos animais apresentou reduzida sensibilidade à variação ambiental, com inclinação da norma de reação próxima de zero. Como resultado, moderada resposta destes animais é esperada às variações nas condições ambientais (Figura 4). O desvio padrão das inclinações (b_j) foi de 0,055 e 0,105, para IDP e IPP, respectivamente, e a classificação das inclinações dos animais nas classes propostas permitiu observar poucos genótipos extremamente plásticos e plásticos em ambas características. Quando é verificada a existência da plasticidade fenotípica, esta pode ser tomada em consideração na seleção de animais porque oferece a possibilidade de incluir o ambiente com o objetivo de melhoramento (DE JONG & BIJMA, 2002).

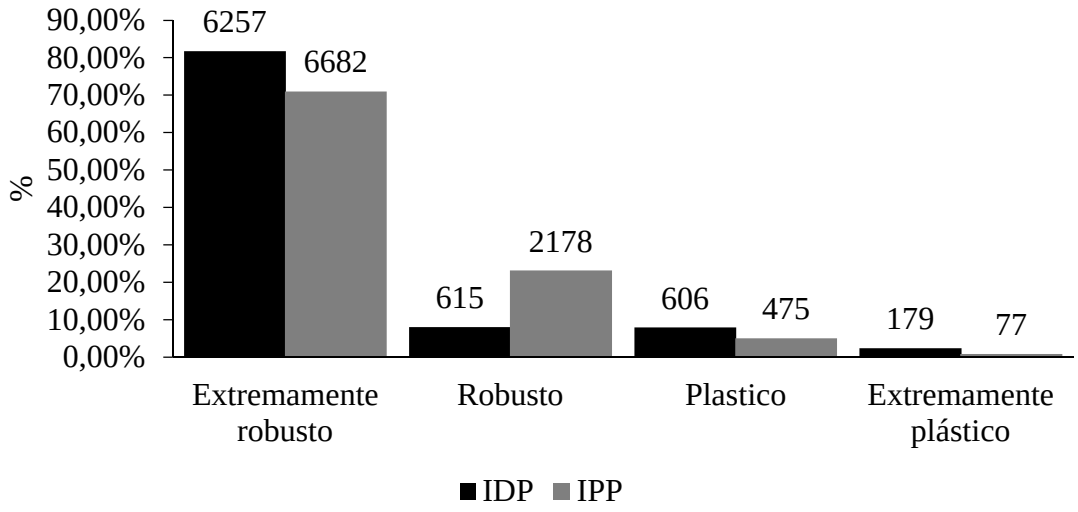


Figura 4 – Porcentagem de animais com genótipos extremamente robustos, robustos, plásticos e extremamente plásticos para a idade ao primeiro parto, intervalo de partos em bovinos Nelore no nordeste do Brasil.

Como exemplo de genótipo extremamente plástico, tem-se o reprodutor 184. Este animal tem o maior número de filhas e maior DEP para o IPP, obtendo coeficiente de inclinação de -0,32 e refletindo a importância da IGA, mesmo em um contexto em que a maioria dos genótipos é robusta. Já o reprodutor 114, segundo em número de

filhas, possui coeficiente de 0,21 (plástico), é um animal inferior em todos os ambientes, portanto, um animal que não deveria ser utilizado com a finalidade de diminuir a IPP.

Um sistema de produção ideal seria selecionar animais que apresentem um alto nível de produção e pouca inclinação, isto é, animais mais robustos que demonstrem bom desempenho em diferentes condições ambientais, mas a identificação desses animais não é uma tarefa fácil (STRANDBERG et al, 2000). Na realidade, um animal não conseguirá produzir sem um mínimo de condições necessárias, não importa quão robusto seja este genótipo. Vários estudos com normas de reação (AMBROSINI, et al. 2012, 2014a e b; CARDOSO & TEMPELMAN, 2012; CORREA, et al. 2010; MATTAR, et al. 2011 e SANTANA JR, et al. 2012) têm demonstrado que animais robustos tendem a ser menos produtivos e apresentam baixa amplitude de valores genéticos no gradiente ambiental.

Animais plásticos têm a capacidade de se adaptar às variações ambientais ao qual são expostos (STEARNS, 1989). Ou seja, animais com genótipos plásticos podem se adaptar melhor a drásticas alterações ambientais, enquanto animais robustos teriam dificuldade até de sobreviver sob certas condições ambientais. Assim, de acordo com a sensibilidade dos animais, as diferenças genéticas são mais identificáveis à medida que o ambiente melhora, provavelmente, pelo fato dos indivíduos terem condições de expressarem todo seu potencial genético, visualizando sua norma de reação e classificando seu genótipo.

A maioria dos reprodutores foi classificada como robustos em ambas as características, mas para IPP, observou-se que os touros plásticos tinham maior média de progênies (35 e 110 progênies para os plásticos e extremamente plástico, respectivamente) (Tabela 4). Dessa forma, os reprodutores com genótipos responsivos estão efetivamente sendo usados, realçando a importância da IGA. Isso é corroborado pelo aumento progressivo da média dos valores genéticos no gradiente ambiental para reprodutores extremamente plásticos (-4,54 a -87,91 dias, ambientes de baixo a alto, respectivamente). Para os reprodutores classificados como extremamente robustos e robustos, a variação dos valores genéticos foi muito pequena no gradiente ambiental (Tabela 4).

Tabela 4 – Número médio de progênies e valor genético nos diferentes ambientes e genótipos.

Genótipo	Número de reprodutores	Média progênies	Valor genético médio (Baixo)	Valor genético médio (Médio)	Valor genético médio (Alto)
			IPP		
Ext. Robusto	463	8	-0,01	-0,28	-0,63
Robusto	37	34	-1,85	-15,31	-32,80
Plástico	12	35	1,52	-19,30	-46,37
Ext. Plástico	3	110	-4,54	-87,91	-196,29
			IDP		
Ext. Robusto	569	16	0,15	-0,16	-0,56
Robusto	49	15	3,91	-1,54	-8,63
Plástico	20	21	6,89	-2,18	-13,97
Ext. Plástico	13	18	17,14	-7,54	-39,64

Para IDP, o número médio de filhas para reprodutores nos diferentes genótipos foi próximo (Tabela 4). Isso reflete o uso equilibrado de reprodutores, o que pode ser explicado pelo fato de ser uma característica que não é utilizada efetivamente em programas de seleção, devido à baixa herdabilidade. Características reprodutivas são determinantes da eficiência reprodutiva dos rebanhos bovinos de corte, quanto mais jovem o animal ao seu primeiro parto, mais rápido retorna a reprodução, mais rápido o retorno ao produtor (PEROTTO, et al. (2006a).

Para melhor avaliar o efeito do ambiente de seleção dos touros sobre os ganhos genéticos, as tendências genéticas para IPP e IDP foram ajustadas para o MA e para o MHNR nos ambientes baixo, médio e alto. Para IPP, todos os coeficientes de regressão foram significativos ($p<0,0001$) e negativos (-0,305, -0,048, -0,387, -0,858 dias/ano, respectivamente), com valor genético diminuindo gradativamente com os anos (Figura 5). Se a seleção for praticada com MHNR no nível baixo, os ganhos genéticos serão muito pequenos. Já para o MA e os MHNR médio e alto, os ganhos genéticos aumentam, sendo maiores nos níveis médio e alto dos MHNR.

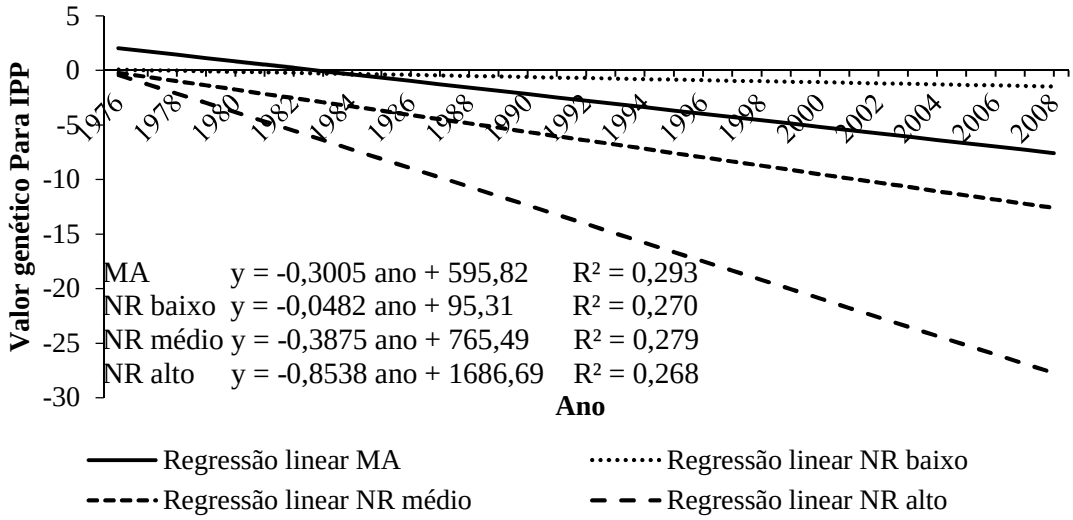


Figura 5 – Tendência genética para a característica Idade ao Primeiro Parto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto, período de 1976 a 2011.

Laureano et al. (2011), avaliando tendências genéticas em dois períodos (1980 a 2000 e 1994 a 2008) da raça Nelore no estado de São Paulo para IPP, encontram valores nulos para o primeiro período (-0,003 dias/ano) e bem superiores aos encontrados neste trabalho (-3,024 dias/ano). Segundo estes autores, apesar de baixos ganhos genéticos, o progresso genético deve ser considerado, pois as mudanças genéticas são estáveis, cumulativas e permanentes ao longo dos anos.

Para o IDP, as tendências não foram significativas (p>0,3252; p>0,9501; p>0,5597; p>0,7878, respectivamente) em nenhum modelo e ambiente. Características reprodutivas são importantes na determinação da eficiência econômica de qualquer sistema de produção de bovinos de corte. Quando se observam mudanças de pequena magnitude em características reprodutivas, estas podem ser explicadas parcialmente pela pequena variabilidade genética que a população apresenta para esta característica, muitas vezes, em razão da pouca utilização de estações de monta, ou com estações muito curtas (BALIEIRO et al., 1999).

Conclusão

A característica IDP apresenta baixíssima variabilidade genética em todos os ambientes. Para IPP, ficou evidente maior variabilidade e possiblidade de ganhos nos ambientes de melhor manejo. A maioria dos touros apresentou-se robustos à variação ambiental, entretanto, quando se considera os touros com maior número de filhas, evidencia-se IGA, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para

IPP e, em menor magnitude, para IDP. As tendências genéticas evidenciaram que a seleção para IPP, em ambientes específico, médio e alto, leva a maiores ganhos genéticos que o modelo animal usual.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de produtividade concedida a Raimundo Martins Filho, Carlos Henrique Mendes Malhado e a Paulo Luiz Souza Carneiro; à Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), por ceder os dados; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), pelo apoio financeiro; e à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB).

Referências

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J.; MARTINS FILHO, R.; AMARAL, R.S.; CARDOSO, F.F. e MALHADO, C.H.M. Reaction norms models in the adjusted weight at 550 days of age for Polled Nellore cattle in Northeast Brazil, **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.43, n.7, p. 351-357, 2014a.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. e CARDOSO, F.F. Interação genótipo × ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; BRACCINI NETO, J.; MARTINS FILHO, R.; AFFONSO, P.R.A.M. e CARNEIRO, P.L.S.Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in Polled Nellore cattle in north-eastern Brazil. **Archiv Tierzucht.** v.57, n.32, p. 1-11, 2014b.

AZEVÊDO, D.M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R.; FORABOSCO, F. e MALHADO, C.H.M. Parâmetros genéticos e fenotípicos do desempenho reprodutivo de fêmeas Chianina. **Revista Brasileira de Zootecnia.** v.35, n.3, p.982-987, 2006.

BALIEIRO, E.S.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, C.S.; PEREIRA, R.S. e BERGMANN, J.A.G. Estimativas de parâmetros genéticos e de tendência fenotípica, genética e de ambiente de algumas características reprodutivas na raça Gir. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.51, p.371-376, 1999.

BAYESIAN STATISTICS No. 4. p 164-193. Oxford University Press, Oxford. **R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008. Disponível em <http://www.R-project.org>. Acessado em: Mai 13, 2012.

BOLIGON, A.A.; VOZZI, P.A.; NOMELINI, J.; RORATO, P.R.N.; BEZERRA, L.A.F. e LOBO, R.B. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciencia Rural**. v.38, n.2, p. 432-436, 2008.

CAETANO, S.L.; SAVEGNAGO, R.P.; BOLIGON, A.A.; RAMOS, S.B.; CHUD, T.C.S.; LÔBO, R.B. e MUNARI, D.P. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science.** v.155, n.1, p.1–7, 2013.

CALUS, M.P.L.; GROEN, A.F. e DE JONG, G. Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. **Journal Dairy Science.** v.85, n.11, p.3115-3123, 2002.

CAMPELLO, C.C.; MARTINS FILHO, R.; LOBO, R.N.B. Intervalo de partos e fertilidade real em vacas Nelore no estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.5, p.474-479, 1999.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 75p. (Documentos, 74), 2008.

CARDOSO, F.F., ROSA, G.J.M. e TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science.** v.83, n8, p.1766- 1779, 2005.

CARDOSO, F.F. **Aplicação da Inferência Bayesiana no Melhoramento Animal Usando o Programa INTERGEN Versão 1,2**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 34p. (Documentos, 111), 2010.

CARDOSO, F.F. & TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**. v.90, n.7, p.2130-41., 2012.

CASTRO-PEREIRA, V.M.; ALENCAR, M.M. e BARBOSA, R.T. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características reprodutivas e de crescimento em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.36, n.4, p.1029-1036, 2007

CHIAIA, H.L.J.; DE LEMOS, M.V.A.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; DE OLIVEIRA, H.N. e BALDI, F. Genotype × environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nellore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **Journal Animal Science**. doi:10.2527/jas.2014-8217. 2015.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Genetice valuation of Devon Cattle using a reaction norms model. **Revista Brasileira de Zootecnia** v.39, n.1, p.128-133, 2010.

CORREÂ, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-demama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468–1477, 2009.

DAL ZOTTO, R.; DE MARCHI, M.; DALVIT, C.; CASSANDRO, M.; GALLO, L.; CARNIER, P. e BITTANTE, G. Heritabilities and Genetic Correlations of Body Condition Score and Calving Interval with Yield, Somatic Cell Score, and Linear Type Traits in Brown Swiss Cattle. **Journal Dairy Science**. v.90, n.12, p.5737–5743, 2007.

DE JONG, G. & BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science.** v.78, n.3, p195–214, 2002.

DIAS, L.T.; FARO, L.E. e ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.1, p.97-102, 2004.

DIAZ, I.P.S.; OLIVEIRA, H.N.; BEZERRA, L.A.F. e LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction in Nelore cattle from five Brazilian states. **Genetics and Molecular Biology** (Impresso), v.34, n.3, p.23-27, 2011.

FALCONER, D.S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reactionnorm) and on mean performance. **Genetics Research** v.56, n.1, p.57-70, 1990.

FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 464p, 1996.

FERREIRA, M.C.M., VIEIRA, D.H.; MEDEIROS, L.F.D. e FERREIRA, S.F. Estudo dos efeitos ambientais sobre a idade à primeira parição e o intervalo de parto de bovinos da raça Nelore, no Estado do Rio de Janeiro. Anais ZOOTEC, Recife, 2006. CD-ROM.

FRIES L.A. & ALBUQUERQUE L. Prenhez aos quatorze meses: presente e futuro. 1999. Disponível em: <http://www.sbz.org.br/eventos/PortoAlegre/homepagesbz/Fries.htm.> Acesso em: 15 fev. 2014.

GELFAND, A.E. Model determination usings ampling-based methods. p.145-161. **In:** Markov Chain Monte Carlo in practice. Gilks, W. R.; Richardson, S. and Spiegelhalter, D. J., eds. Champman & Hall, London, 1996.

GEWEKE, J. Evaluating the Acuracy of Sampling-based Approaches to the Calculation of Posterior Moments (with Discussion). **In:** J. O. Berger, J. M. Bernardo, A. P. Dawid and S. A. F. M. (eds.), 1992.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALVAREZ, I.; FERNÁNDEZ, I.; ROYO, L.J.; DÉEZ, J. e GOYACHE, F.; Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. **Livestock Production Science**. v.78, n.3, p.215–222, 2002.

GUTIÉRREZ, J.P; GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ALVAREZ, I. e ROYO, L.J. Genetic relationships among calving ease, calving interval, birth weight, and weaning weight in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. **Journal Animal Science**. v.85, n.1, p.69-75, 2007.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; DANELL, B. e JORJANI, H. Reaction norms for protein yield and days open in Swedish red and White dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agricultura e Scandinavica**, v.54, 139–151, 2004.

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

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P. e ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia.** v.63, n.1, p.143-152, 2011.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, A.C.M.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R. e LADLE, R.J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** v.45, n.10, p.1109-1116, 2010.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; AFFONSO, P.R.A.M.; PEREIRA, D.G. e SOUZA, J.C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal.** v.10, n.4, p.830-839, 2009.

MATOS, A.S.; SENA, J.S.S.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.F.; LÔBO, R.B.; RORATO, P.R.N.; CUCCO, D.C. e ARAÚJO, R.O. Interação genótipo-ambiente em rebanhos nelore da Amazônia Legal. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. v.14, n.3, p.599-608, 2013.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M. e CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal of Animal Science.** v.89, n.8, p.2349-2355, 2011.

MORALES, J.T. & CAVESTANY, D. Anestro pós-parto en vacas lecheras. **Veterinaria (Montevideo)**. v.48, n.188, p.3-11, 2012.

NEPOMUCENO, L.L.; ANDRADE, R.J.; LOPES, F.B.; LIRA, T.S.; VIEIRA, L.F.; SANTOS, G.C.J.; PEREIRA, L.S. e FERREIRA, J.L. Associações genéticas entre o perímetro escrotal e as características produtivas e reprodutivas em rebanho Nelore criado na região norte do Tocantins. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**. v.10, n.3, p.253-261, 2012.

NEWTON, M. A. & RAFTERY, A. E. Approximate Bayesian inference by the weighted likelihood bootstrap (with Discussion). **Journal of the Royal Statistical Society**, series B. v.56, n.1, p.3-48, 1994.

PEGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F. e LOBO. R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetic Molecular Biology**. v.32, n.2, p.281–287, 2009.

PEREIRA, E.; ELER, J.P. e FERRAZ, J.B.S. Correlação entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1676-1683, 2000.

PEREIRA, J.C.C.; AYALA, J.M.N. e OLIVEIRA, A.N. Efeitos genéticos e não genéticos sobre a idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos de duas populações da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.42, n.1, p.93-102, 1991.

PEROTTO, D.; ABRAHÃO, J.J.S. e KROETZ, I.A. Intervalo de partos de fêmeas bovinas Nelore, Guzerá x Nelore, Red Angus x Nelore, Marchigiana x Nelore e Simental x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.733-741, 2006a.

PEROTTO, D.; MIYAGI, A.P.; SOUZA, J.C.; MOLETTA, J.L. e FREITAS, J.A. Estudos de características reprodutivas de animais da raça Canchim, criados a pasto, no estado do Paraná, Brasil. **Archives of Veterinary Science**, v.11, n.2, p.1-6, 2006b.

R Development Core Team. R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL http://www.R-project.org/, (2011).

RAFTERY, A.E. & LEWIS, S.M. One longrun with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**. v.7, n.4, p.493-497, 1992.

ROSO, V. M., & SCHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. **In:** 8th World Congresson Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, MG, Brasil. p communication no 27-26, 2006.

SANTANA JR, M.L.; ELER, J.P.; CARDOSO, F.F.; ALBUQUERQUE, L.G. e FERRAZ, J.B.S. Phenotypic plasticity of composite beef cattle performance using reaction norms model with unknown covariate. **Animal**, v.7, n.2, p 202–210, 2012.

SHARIATI, M.M., SU, G., MADSEN, P. e SORENSEN, D. Analysis of milk production traits in early lactation using a reaction norm model with unknown covariates. **Journal Dairy Science.** v.90, n.12, p.5759–5766, 2007.

SILVEIRA, M.V.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; FREITAS, J.A.; GONDO, A.B. e FERRAZ FILHO, P.B. interação genótipo x ambiente sobre características produtivas e reprodutivas de fêmeas nelore. **Archivos Zootecnia**. v.63, n.241, p.223-226. 2014.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA)**version 1.1.7.2 User's manual. University of Iowa, Iowa, 2007.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. e DERLINDE. A.VAN. Bayesian measures of model complexity and fit. J. R. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)**. v.64, n.5, p.583-616, 2002.

STEARNS, S.C. The evolutionary significance of phenotypic plasticity. **Bioscience**. v.39, n.7, p463-445. 1989.

STRANDBERG, E.; BROTHERSTONE, S.; WALL, E. e COFFEY, M.P. Genotype by environment interaction for first-lactation female fertility traits in UK dairy cattle. **Journal of Dairy Science**. v.92, n.7, p.3437–3446, 2009.

STRANDBERG, E.; KOLMODIN, R.; MADSEN, P.; JENSEN, J. e JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied by use of reaction norms. **Interbull Bulletin**. v.25, n., p.41–45, 2000.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R. e JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, n.7, p.1651-1657, 2006.

YAGUE, G.; GOYACHE, F.; BECERRA, J.; MORENO, C.; SANCHEZ, L. e ALTARRIBA, J. Bayesian estimates of genetic parameters for pre-conception traits, gestatio length and calving interval in beef cattle. **Animal Reproduction Science**, v.114, n.1-3, p.72-80, 2009.

YOKOO, M.J., MAGNABOSCO, C.U., ROSA, G.J.M., LÔBO, R.B. e ALBUQUERQUE, L.G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.64, n.1, p.91-100, 2012.

IV - CAPÍTULO II:

Interação genótipos x ambientes via normas de reação para características produtivas do Nelore no Nordeste do Brasil

Resumo – Na região Nordeste brasileira existe grande variação no sistema de criação de bovinos nas condições edafoclimáticas, tornando-se fundamental avaliar a presença da interação genótipos x ambientes (IGA). Nesse sentido, objetivou-se avaliar, via modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR), a sensibilidade dos animais ao ambiente e estimar o progresso genético nos ambientes baixo, médio e alto do gradiente ambiental. Foram utilizados o ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345) e os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade da raça Nelore, na região Nordeste do Brasil. Cinco modelos foram testados, um modelo animal tradicional (MA), que ignora a IGA; dois modelos hierárquicos de normas de reação com homocedasticidade de variância residual; e dois com heterogeneidade de variância residual. Observou-se que o modelo hierárquico de normas de reação homocedástico com um passo ($MHNRHO_{1P}$) apresentou melhor ajuste para todas as características. A média a *posteriori* das herdabilidades direta e variância genética direta no gradiente ambiental foram de 0,03 a 0,63; 0,13 a 0,62; 013 a 0,82 e 0,06 a 0,87; 21,63 a 533,97; 40,02 a 447,98; 65,01 a 1675,04 e 44,26 a 4539,38, respectivamente, para GP345, P205, P365 e P550. As correlações entre o intercepto e a inclinação da norma de reação foram altas, com valores de 0,93; 0,95; 0,92; 0,82; 0,91 e 0,93, para GP345 (direto), GP345 (materno), P205 (direto), P205 (materno), P365 e P550, respectivamente. Essa correlação elevada indica que animais com alto valor genético tendem a responder positivamente em melhores ambientes, caracterizando o efeito de escala da IGA. As tendências genéticas mostraram ganhos para os efeitos diretos, principalmente nos melhores ambientes. Existe variação genética devido à sensibilidade dos animais nos diferentes ambientes, fato este que permite selecionar animais com genótipos específicos para produção em determinado ambiente.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, parâmetros genéticos, plasticidade fenotípica, reprodutores, sensibilidade ambiental

Genotype x environment interactions via reaction norms for Nellore the productive traits in Northeast Brazil

Abstract – In the Brazilian Northeast, there is great variation in the cattle system and at conditions making it essential to assess the presence of genotype x environments interaction (GEI). In this sense, the objective of this study was to evaluate, via reaction norms hierarchical models (RNHM), the sensitivity of animals to the environment and estimate the genetic progress in the levels low, medium and high environmental

gradient. Were utilized the weight gain from weaning to yearling (WG345), and the adjusted weights at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age Nellore in northeastern Brazil. Five models was tested, a traditional animal model (AM), which ignores the GEI, two RNHM with residual variance homoscedasticity and two with heterogeneity of residual variance. Was observed that the reaction norms hierarchical models homoscedastic with a step ($RNHM_{1P}hm$) presented the best fit for all the traits. The average *posteriori* of direct heritability and direct genetic variance in environmental gradient were 0.03 to 0.63; 0.13 to 0.62; 013 to 0.82 and 0.06 to 0.87; 21.63 to 533.97; 40.02 to 447.98; 65.01 to 1675.04 and 44.26 to 4539.38, respectively, for WG345, W205, W365 and W550. The correlations between the intercept and the slope of the reaction norm were high, with values of 0.93; 0.95; 0.92; 0.82; 0.91 and 0.93 for WG345 (direct), WG345 (mother), W205 (direct), W205 (maternal), W365 and W550, respectively. This high correlation indicates that animals with high genetic value tend to respond positively in better environments characterizing the scale effect of the GEI. The genetic trends showed gains for the direct effects, especially in the best environments. There is genetic variation due to sensitivity of animals in different environments, a fact that allows you to select animals with specific genotypes to production in a particular environment.

Key words: environmental sensitivity, genetic correlation, genetic evaluation, genetic parameters, phenotypic plasticity, reproducers

Introdução

A cada ano aumenta a demanda de produtos à base de carne bovina. Apesar do Brasil ser o atual maior produtor e exportador comercial de carne bovina do mundo (BRASIL, 2013), ainda há muito o que se fazer em relação ao aumento de produtividade, em especial com relação ao uso de material genético melhorado.

Os ganhos genéticos nos zebuínos da região Nordeste do Brasil são pequenos (AMARAL, et al., 2014; MALHADO et al., 2005; SANTOS et al., 2007) e isso pode estar relacionado, entre outros fatores, ao uso de material genético não específico para esta região. No Brasil, existe uma grande variação de ambientes e sistemas de produção, e as avaliações genéticas não consideram a interação genótipos x ambientes (IGA). Recentemente, tem-se utilizado modelos de norma de reação (MNR), propostos por Kirkpatrick e Heckman (1989), como uma forma eficiente de estudar a IGA. Nesta metodologia, faz-se uso da regressão aleatória linear, na qual é descrita a mudança gradual e contínua de cada genótipo em função de um gradiente ambiental.

A IGA refere-se ao fato de que o melhor genótipo em um ambiente poderá não o ser em outro ambiente, e que os genótipos diferem em sua resposta a fatores ambientais, implicando na existência da variância genética para a sensibilidade ambiental ou plasticidade fenotípica (De JONG e BIJMA, 2002). Dessa forma, a expressão genética

de uma característica depende da constituição genética aditiva do animal, do ambiente em que ele será exposto e da sensibilidade destes animais às alterações ambientais.

São inúmeros os trabalhos com aplicação de MNR no estudo da IGA, como Ambrosini et al. (2014a, 2014b); Cardoso et al. (2011); Correa et al. (2010); Hammami et al. (2009); Mattar et al. (2011), dentre outros. Estes autores identificaram a existência da IGA em características de crescimento e de ganho de peso. Observa-se que a avaliação genética dessas raças e de outras populações semelhantes poderiam ser beneficiadas com a implementação de modelos de NR, visando à otimização do melhoramento genético em ambientes múltiplos (KOLMODIN e BIJMA, 2004).

A implementação de análises genéticas com modelos que contemplem a sensibilidade dos genótipos à variação ambiental pode melhorar a avaliação genética, com melhoria dos ganhos genéticos. Alencar et al. (2005) destacam que com informações da IGA é possível mudar critérios de seleção, dependendo do ambiente que os animais são criados e avaliados.

Características de crescimento são de grande importância econômica, pois são determinantes nas principais etapas de desenvolvimento, afetando diretamente o peso final do animal. Os efeitos genéticos diretos, materno, além de fatores ambientais são importantes para estas características (HOHENBOKEN & BRINKS, 1971; ROBISON, 1981).

Objetivou-se verificar a presença da IGA e quantificar a sensibilidade ambiental dos genótipos frente às alterações ambientais. Adicionalmente, estimou-se progresso genético nos níveis baixo, médio e alto do gradiente ambiental, para o ganho de peso da desmama ao sobreano e pesos aos 205, 365 e 550 dias em bovinos da raça Nelore criados no Nordeste do Brasil.

Material de métodos

Utilizou-se registros de animais da raça Nelore nascidos entre 1974 e 2011, criados a pasto, no Nordeste do Brasil e cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). As características foram analisadas utilizando um banco de dados com 112989 registros. Os GC foram formados de forma a proporcionar um ambiente mais homogêneo, de acordo com o rebanho, ano e época de nascimento do animal, regime alimentar, condição de criação e sexo. As épocas de nascimento foram

agrupadas em quatro classes: maio, junho e julho; agosto, setembro e outubro; novembro, dezembro e janeiro; fevereiro, março e abril.

Para todas as características, foram mantidos apenas grupos de contemporâneos (GC) conectados, sendo a análise de conectabilidade realizada com o programa AMC (ROSO & SCHENKEL, 2006), com no mínimo de 10 laços genéticos, sendo mantidos apenas o arquipélago principal com animais em 990, 4787, 3448 e 2692 GC, para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1 – Descrição dos critérios utilizados para descarte das observações.

Restrições	GP345	P205	P365	P550
Arquivo Inicial	112989	112989	112989	112989
Idade da vaca < 2,3 > 20 anos	2744	2937	2822	2822
Registros duplicados	1	4	4	4
Animais sem registro de peso	56467	0	41222	56442
Regime alimentar e condição de criação	26156	-	-	-
Intervalo da característica	533	2309	2359	2173
GC com < que 5 observações e DP > que 3	8720	34918	23469	18772
Vacas com menos que 2 progênies	10122	23657	-	-
Touros com menos que 5 progênies	352	614	444	413
Animais desconectados	1048	937	602	467
Média e desvio padrão da característica (kg)	117,5±28	168,1±32,5	225,1±48,0	298,5±70,2
Arquivo final	**6846**	**47613**	**42071**	**31900**
Total de indivíduos na matriz de parentesco	**10119**	**63571**	**66243**	**51334**

Inicialmente, o Programa INTERGEN 1.2 (CARDOSO, 2010) foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA, para estimar o valor genético, obter as estimativas dos efeitos médios ambientais com base nos GC e para ser utilizado em comparação com os modelos de normas de reação:

GP345 e P205: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij}$ [1]

P365 e P550: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + e_{ij}$ [2]

Em que; y_{ij} é o registro do animal *i* no ambiente *j*; β é um vetor de efeitos para covariáveis (linear e quadrático para a idade da vaca); x_i' é o vetor de incidência; X_j é o efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i é o valor genético aditivo do animal *i*; m_i é valor genético materno do animal *i* (P205 e GP345); ep_i é efeito de ambiente permanente materno (P205 e GP345); e e_{ij} é o erro residual;

Posteriormente, duas metodologias utilizando modelos hierárquicos de normas de reação (MHNR) foram propostas para estimar as diferentes sensibilidades ambientais dos genótipos, nesses modelos, o valor genético é expresso em função de uma covariável ambiental (FALCONER, 1990). A primeira metodologia utiliza as

estimativas dos efeitos médios ambientais com base nos GC obtidos no MA, como covariáveis “conhecidas” em um modelo de regressão aleatória (CALUS et al., 2002; KOLMODIN et al., 2002), chamado aqui de modelo hierárquico norma de reação dois passos ($MHNR_{2P}$):

GP345 e P205: $y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}\hat{X}_j + b_{2i}\hat{X}_j + e_{ij}$ [3]

P365 e P550: $y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + b_i\hat{X}_j + e_{ij}$ [4]

Em que; ϕ é o coeficiente de regressão fixo; a_i é o valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; m é o valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal i (P205 e GP345); ep_i é o efeito de ambiente permanente materno (P205 e GP345); b_i e b_{1i} são os coeficientes de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação direta do animal i no ambiente, representado por $\hat{X}_j$; b_{2i} é o coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna (P205 e GP345) do animal i no ambiente, representado por $\hat{X}_j$; $\hat{X}_j$ é o preditor de X_j obtido no [1]; e e_{ij} é o erro residual.

Contudo, esses modelos têm a limitação de usar esta estimativa prévia conhecida ($\hat{X}_j$) (soluções dos GC no MA), no lugar de uma covariável verdadeira “desconhecida” (X_j). De acordo com Su et al. (2006), quando tratadas dessa forma, as análises podem levar a uma subavaliação da incerteza e também a predições tendenciosas do mérito genético, devido a diferenças genéticas dos rebanhos. Para superar essa limitação, estes autores propuseram a segunda metodologia utilizada neste estudo, um modelo que apesar da semelhança com [3 e 4], apresenta processo de estimação diferente e simultâneo para as soluções dos GC (X_i) e norma de reação, aqui chamado de modelo hierárquico norma de reação um passo ($MHNR_{1P}$):

GP345 e P205: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij}$ [5]

P365 e P550: $y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + b_iX_j + e_{ij}$ [6]

Complementando, propomos duas diferentes pressuposições acerca da variância residual: (a) homocedasticidade para MA, $MHNR_{2P}$ ($MHNRHO_{1P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHO_{2P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heterocedasticidade para os modelos $MHNR_{2P}$ ($MHNRHE_{2P}$) e $MHNR_{1P}$ ($MHNRHE_{1P}$), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

As estimativas das tendências genéticas no modelo animal padrão e nos ambientes baixo, médio e alto do modelo de normas de reação com melhor ajuste para as características avaliadas foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da

variável dependente (valores genéticos) sobre o ano de nascimento, por meio do SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.2).

Para obtenção das estimativas de todos os parâmetros, foi utilizado o amostrador de Gibbs, por meio do método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Nos modelos heterocedástico, foi necessária a aplicação de um passo extra (Metropolis-Hastings). Todas as cadeias variaram de 55 mil a 330 mil ciclos, para GP345 e P365; 660 mil a 880 mil ciclos, para P205; e de 110 mil a 550 mil ciclos, para o P550, o comprimento dependeu da complexidade dos modelos.

Sendo o seguinte procedimento adotado: a) Rodou-se uma análise piloto com 55000 ciclos, 5500 de descarte (*burn-in*) e cinco para o intervalo de salvamento (thinning); b) usando o arquivo resposta '*varcompsam'*, e o pacote do programa R – *Bayesiam Output Analysis* – BOA (SMITH, 2007), aplicou-se o teste Raftery e Lewis (1992) para determinar um novo tamanho de cadeia e período de salvamento. Sendo diagnóstico de convergência checado através do teste Geweke (1992) para todos os parâmetros e diferentes modelos. Este se baseia em um teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas pelas primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%).

As inferências para todos os componentes de variância foram realizadas utilizando a média *posteriori* das análises e, para o cálculo da herdabilidade e valor genético, foi utilizado um intervalo de credibilidade de 99%. As amplitudes das soluções dos GC (h_i), representando os níveis baixo e alto, foram de -84 a 96 kg, para GP345; -72 a 72 kg, para P205; -90 a 140 kg, para P365; e -120 a 225 kg, para P550. Respeitando intervalo de credibilidade, as estimativas de herdabilidade e valores genéticos foram realizadas entre os intervalos de -69 a 77 kg, -48 a 52 kg, -75 a 117 kg e -105 a 171, para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente. Estas amplitudes representaram os ambientes de baixo a alto manejo, em que o valor zero representa o ambiente médio.

Três critérios foram utilizados para verificar o modelo de melhor ajuste: Critério de Informação da Deviance (DIC) (SPIEGELHALTER et al., 2002); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) (GELFAND, 1996), e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB) (NEWTON e RAFTERY, 1994). Estes desvios representam o grau de afastamento do modelo avaliado em relação a um modelo de ajuste hipotético perfeito, e menores valores indicam melhor ajuste.

Para valores de inclinações (b_j) próximos a zero, o valor genético (g_j) será relativamente constante no gradiente ambiental (h_i). Então, estes reprodutores têm um genótipo robusto às mudanças ambientais, enquanto que os genótipos plásticos são aqueles que alteram substancialmente o seu desempenho no gradiente ambiental; ou seja, valores elevados de b_j (FALCONER, 1990). De acordo com o desvio padrão das inclinações de cada característica, os genótipos dos animais foram classificados em extremamente robusto ($|b_j| < \sigma_b$), robusto ($\sigma_b \leq |b_j| \leq 2\sigma_b$), plástico ($2\sigma_b \leq |b_j| \leq 3\sigma_b$) e extremamente plástico ($|b_j| \geq 3\sigma_b$).

As consequências da IGA na seleção em diferentes ambientes foram avaliadas comparando os reprodutores com maior valor genético com o modelo animal padrão, e o modelo de melhor ajuste (ambientes baixo, médio e alto) por meio das correlações de Sperman.

Resultados e Discussão

Observou-se convergência a 1% (p>0,01), pelo teste Geweke (2002), para os parâmetros dos modelos das características P205, P365 e P550; e para maioria dos componentes do GP345. Os modelos dois passos não convergiram para o GP345 e P205. Para todas as características, o melhor ajuste foi alcançado no modelo hierárquico de normas de reação homocedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) (Tabela 2). Estes resultados estão de acordo com Su et al. (2006), que demonstraram com a simulação de dados que a estimação conjunta através de parâmetros desconhecidos é uma abordagem mais efetiva do que usar efeitos ambientais estimados, via modelo animal, como covariáveis em modelos de norma de reação.

Tabela 2 – Critério de Informação da Deviance (DIC); Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) e a Deviance baseada nos Fatores de Bayes (FB), no modelo animal padrão (MA) e nos modelos hierárquicos de normas de reação: homocedástico um passo ($MHNRHO_{1P}$) e heterocedástico um passo ($MHNRHE_{1P}$).

Modelos	Características	DIC		CPO		FB	
MA	GP345	79131,78	3	66783,26	3	64044,04	3
$MHNRHO_{1P}$	GP345	76072,62	1	65595,78	1	63519,26	1
$MHNRHE_{1P}$	GP345	78162,74	2	69369,75	2	71665,33	2
MA	P205	489415,66	1	473844,92	2	399328,39	2
$MHNRHO_{1P}$	P205	844431,16	2	429575,53	1	394991,15	1
$MHNRHE_{1P}$	P205	845220,83	3	494870,40	3	554322,41	3
MA	P365	467854,67	5	404255,72	5	380195,04	4
$MHNRHO_{2P}$	P365	462050,72	4	122873,34	2	372960,04	2
$MHNRHO_{1P}$	P365	453247,56	1	121943,19	1	370642,56	1

MHNRHE$_{2P}$	P365	460107,52 ^{3}	124900,45 ^{3}	779321,30 ^{5}
MHNRHE$_{1P}$	P365	457810,88 ^{2}	125495,34 ^{4}	375275,59 ^{3}
MA	P550	405298,77 ^{5}	172053,66 ^{5}	315107,19 ^{5}
MHNRHO$_{2P}$	P550	384423,70 ^{4}	171200,85 ^{1}	306257,60 ^{2}
MHNRHO$_{1P}$	P550	375653,53 ^{1}	171334,84 ^{2}	302290,47 ^{1}
MHNRHE$_{2P}$	P550	376167,12 ^{2}	171392,44 ^{3}	310224,74 ^{4}
MHNRHE$_{1P}$	P550	354941,39 ^{3}	171547,74 ^{4}	310044,74 ^{3}

1,2 3 indicam o melhor ajuste.

A estimativa média a *posteriori* da correlação entre intercepto e inclinação da norma reação ($r_{a,b}$) foi de 0,93±0,04 (GP345 direto), 0,95±0,07 (GP345 materno), 0,92±0,03 (P205 efeito direto), 0,82±0,09 (P205 efeito materno) 0,91±0,01 (P365) e 0,93±0,01 (P550) (Tabela 3). Essas altas correlações evidenciam que animais com maior valor genético médio para um determinado ambiente tendem a demonstrar aumento do valor genético em ambientes favoráveis. Estes resultados estão próximos aos obtidos por outros trabalhos com normas de reação em bovinos de corte para características de peso (AMBROSINI et al., 2012; 2014a e 2014b) e para características de ganho de peso (CARDOSO & TEMPELMAN 2012; CORREÂ, et al., 2009; CHIAIA, et al., 2015).

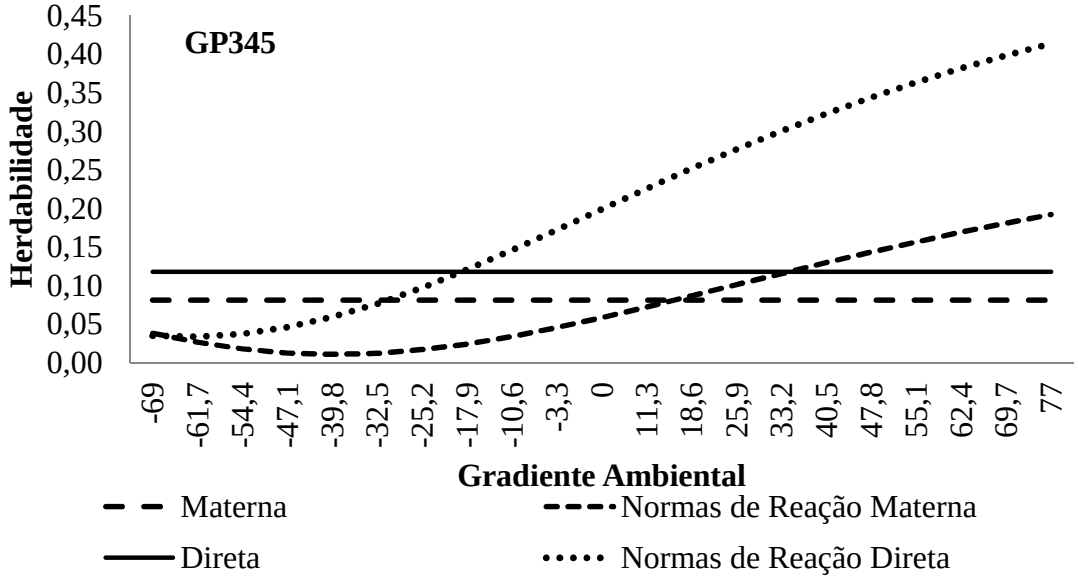
As variâncias genéticas aditivas diretas ($\sigma_A^2|h_i$) aumentaram com a melhoria ambiental, oscilando de 21,63 a 533,97; 40,02 a 447,98; 65,01 a 1675,04 e 44,26 a 4539,38, respectivamente, para GP345 (direto), P205 (direto), P365 e P550 (Tabela 3). Incrementos na variância genética com a melhoria do ambiente também foram observados em bovinos (MATTAR, et al., 2011).

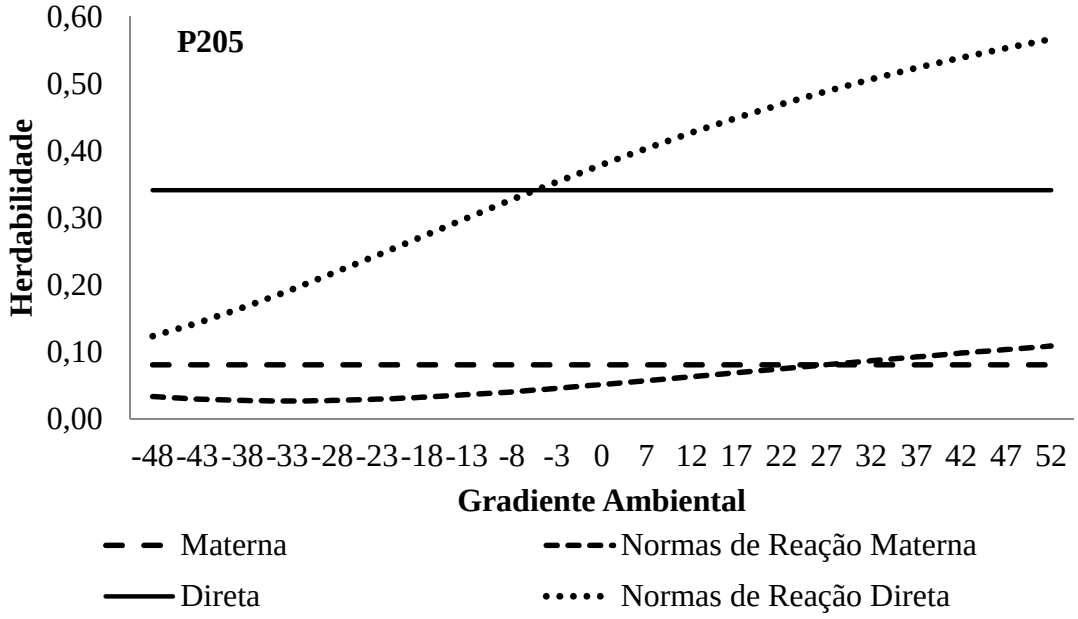
Tabela 3 – Média *posteriori* e desvio padrão da variância genética e herdabilidade, correlação entre intercepto e inclinação das normas de reação e mínimo e máxima das inclinações.

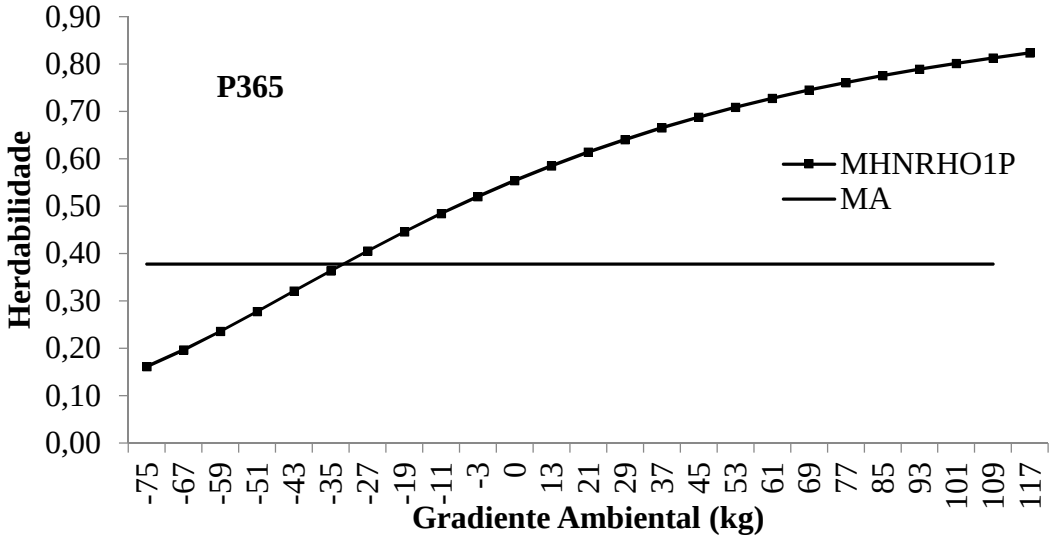
Característica	Gradiente Ambiental	Variância Genética	Herdabilidade	Correlação	Inclinação	
					Min	Max
GP345 (Efeito direto)	MA	93,94 ± 28,18	0,12 ± 0,03			
GP345 (Efeito direto)	-69	21,63 ± 10,52	0,04 ± 0,02			
GP345 (Efeito direto)	0	137,58 ± 27,43	0,19 ± 0,04	0,93 ± 0,04	-0,37	0,40
GP345 (Efeito direto)	77	533,97 ± 104,50	0,48 ± 0,05			
GP345 (Efeito Materno)	MA	64,94 ± 29,50	0,08 ± 0,03			
GP345 (Efeito Materno)	-69	16,10 ± 8,59	0,04 ± 0,01			
GP345 (Efeito Materno)	0	16,49 ± 7,18	0,08 ± 0,02	0,95 ± 0,07	-0,13	0,10
GP345 (Efeito Materno)	77	134,03 ± 56,88	0,19 ± 0,06			
P205 (Efeito direto)	MA	175,32 ± 16,92	0,34 ± 0,02			
P205 (Efeito direto)	-48	40,02 ± 6,94	0,13 ± 0,02	0,92 ± 0,03	-0,49	0,45

P205 (Efeito direto)	0	173,39	±	9,82	0,38	±	0,02							
P205 (Efeito direto)	52	447,98	±	24,58	0,62	±	0,02							
P205 (Efeito Materno)	MA	41,57	±	15,14	0,08	±	0,03							
P205 (Efeito Materno)	-48	4,75	±	2,28	0,02	±	0,01						-0,06	0,09
P205 (Efeito Materno)	0	13,15	±	3,64	0,03	±	0,01	0,82	±	0,09				
P205 (Efeito Materno)	52	42,96	±	12,57	0,13	±	0,03							
P365	MA	277,6	±	13,95	0,38	±	0,02							
P365	-75	65,01	±	8,85	0,15	±	0,02							
P366	0	409,39	±	15,02	0,53	±	0,02	0,91	±	0,01			-0,55	0,70
P365	117	1675,04	±	62,44	0,82	±	0,01							
P550	MA	399,45	±	29,95	0,27	±	0,02							
P550	-105	44,26	±	10,26	0,06	±	0,01						-0,81	0,93
P550	0	812,35	±	32,55	0,54	±	0,02	0,93	±	0,01				
P550	171	4539,3	±	174,6	0,87	±	0,01							

As estimativas médias a *posteriori* da herdabilidade direta no modelo animal (MA) foram de 0,12±0,03 (GP345); 0,34±0,02 (P205); 0,38±0,02 (P365) e 0,27±0,02 (P550) (Figura 1, Tabela 3). Analisando o GP345 com a mesma metodologia, Cardoso et al. (2011); Cardoso & Tempelman (2012) e Corrêa et al. (2010) e Santana Jr et al. (2014), nas raças Hereford, Angus, Canchin e bovinos compostos, estimaram herdabilidades no modelo animal de 0,10, 0,11, 0,13 e 0,27, respectivamente. Utilizando um modelo animal tradicional na raça Nelore, Lira et al. (2013) encontraram valores de herdabilidades direta superior ao presente trabalho (0,48, 0,13, 0,52 e 0,74, para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente). Já Amaral et al. (2014), trabalhando com animais da raça Nelore Mocho na Região Nordeste do Brasil, encontraram para o modelo animal valores inferiores para os efeitos diretos (0,19, 0,24 e 0,18, para P205, P365 e P550, respectivamente) e superior do efeito materno do P205 (0,12).


GP345
Herdabilidade
0,45
0,40
0,35
0,30
0,25
0,20
0,15
0,10
0,05
0,00
-69 -61,7 -54,4 -47,1 -39,8 -32,5 -25,2 -17,9 -10,6 -3,3 0 11,3 18,6 25,9 33,2 40,5 47,8 55,1 62,4 69,7 77
Gradiente Ambiental
Materna
Normas de Reação Materna
Direta
Normas de Reação Direta


P205
Herdabilidade
0,60
0,50
0,40
0,30
0,20
0,10
0,00
-48 -43 -38 -33 -28 -23 -18 -13 -8 -3 0 7 12 17 22 27 32 37 42 47 52
Gradiente Ambiental
Materna
Normas de Reação Materna
Direta
Normas de Reação Direta


P365
Herdabilidade
0,90
0,80
0,70
0,60
0,50
0,40
0,30
0,20
0,10
0,00
MHNRHO1P
MA
-75 -67 -59 -51 -43 -35 -27 -19 -11 -3 0 13 21 29 37 45 53 61 69 77 85 93 101 109 117
Gradiente Ambiental (kg)

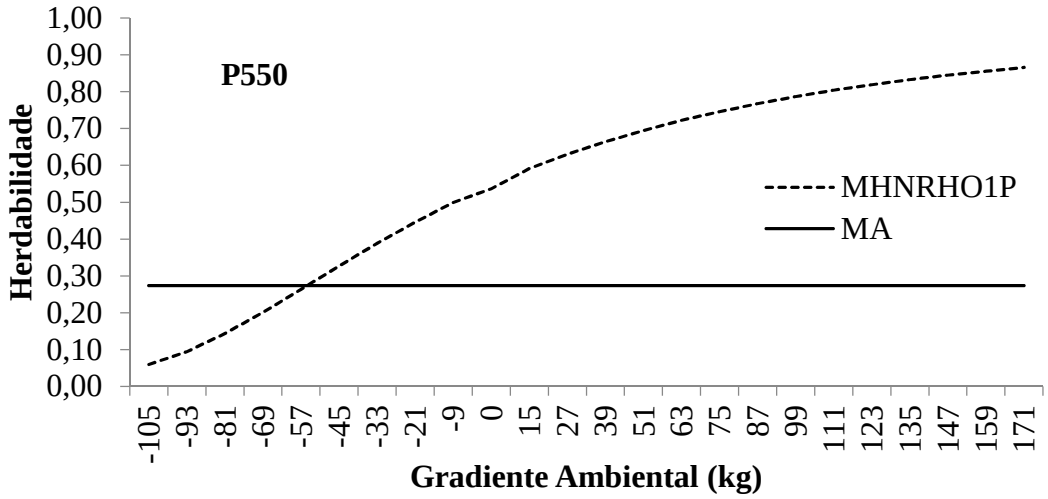


Figura 1 – Herdabilidade para as características GP345 efeito direto e materno, P205 efeito direto e materno, P365 e P550 nos modelos propostos no gradiente ambiental.

Nos MHNR, as estimativas de herdabilidade ao longo do gradiente ambiental, para os efeitos direto ($h_A^2|h_i$), aumentaram com a melhoria ambiental, principalmente nos efeitos de GC positivos (h_i > 0) (Figura 1, Tabela 3), sendo superiores às estimativas do MA, nos níveis médio e alto, nas características GP345, P205, P365 e P550, respectivamente (0,04 a 0,48; 0,13 a 0,62; 013 a 0,82 e 0,06 a 0,87). Por outro lado, no ambiente baixo, as estimativas diretas foram inferiores às estimativas do MA. Para o efeito materno do GP345 e P205 (0,04 a 0,19 e 0,02 a 0,13), as estimativas do MHNR foram superiores ao MA apenas nos melhores ambientes.

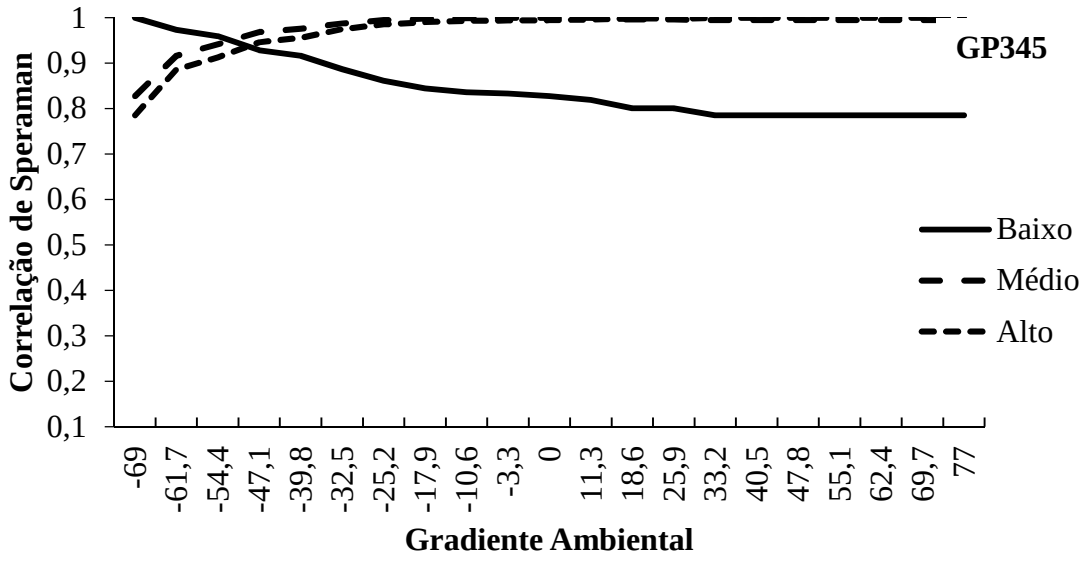
Apesar da baixa magnitude, as estimativas de herdabilidades materna ($h_M^2|h_i$) indicam que, nesta fase, ainda existe influência da mãe em relação ao bezerro, fato que justifica a inclusão do efeito materno no modelo, buscando maior precisão na estimativa dos parâmetros e valores genéticos. Utilizando a mesma metodologia na raça Nelore Mocho e com gradiente ambiental variando de -50 a 30 kg, Ambrosini et al. (2014b) encontraram, para o P205, herdabilidades direta inferior a deste trabalho (0,08 a 0,24), mas com herdabilidade materna foram próximas (0,03 a 0,10).

Em diversos trabalhos (AMBROSINI et al., 2012 e 2014; PEGOLO et al., 2011; MATTAR et al., 2011; KOLMODIN et al., 2003 e SHARIATI et al., 2007) foram observadas herdabilidades inferiores às estimativas de modelo animal padrão nos piores ambientes, mas com aumento em ambientes favoráveis. Kolmodin et al. (2004) também observaram aumento das estimativas de herdabilidade nos melhores ambientes,

sugerindo maior resposta à seleção, utilizando modelos de normas de reação, especialmente, se a seleção é praticada nos ambientes superiores.

As correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos dos reprodutores nos diferentes ambientes do MHNR demonstraram baixa ocorrência de reclassificação, principalmente para o GP345, P205 e P550. Estes resultados podem indicar que a seleção no ambiente baixo pode não ser tão prejudicial para o progresso genético, desde que, no momento da seleção do reprodutor, seja levado em consideração outros fatores, como, por exemplo, seu coeficiente de inclinação da norma de reação.

As correlações de Spearmam entre ambientes foram de médias a altas, variando de 0,78 a 0,99, para GP345; 0,72 a 0,99, para P205; 0,56 a 0,99, para P365; e 0,74 a 0,99, para P550 (Figura 2). As correlações apresentaram comportamento parecido, com mudanças de classificação correndo, principalmente, na comparação entre o ambiente baixo e alto. Ambrosini et al. (2014a); Corrêa et al. (2011) e Santana Jr et al. (2012) relataram correlações similares em bovinos, com a maioria das alterações de posto ocorrendo entre o ambiente baixo e alto do gradiente ambiental.



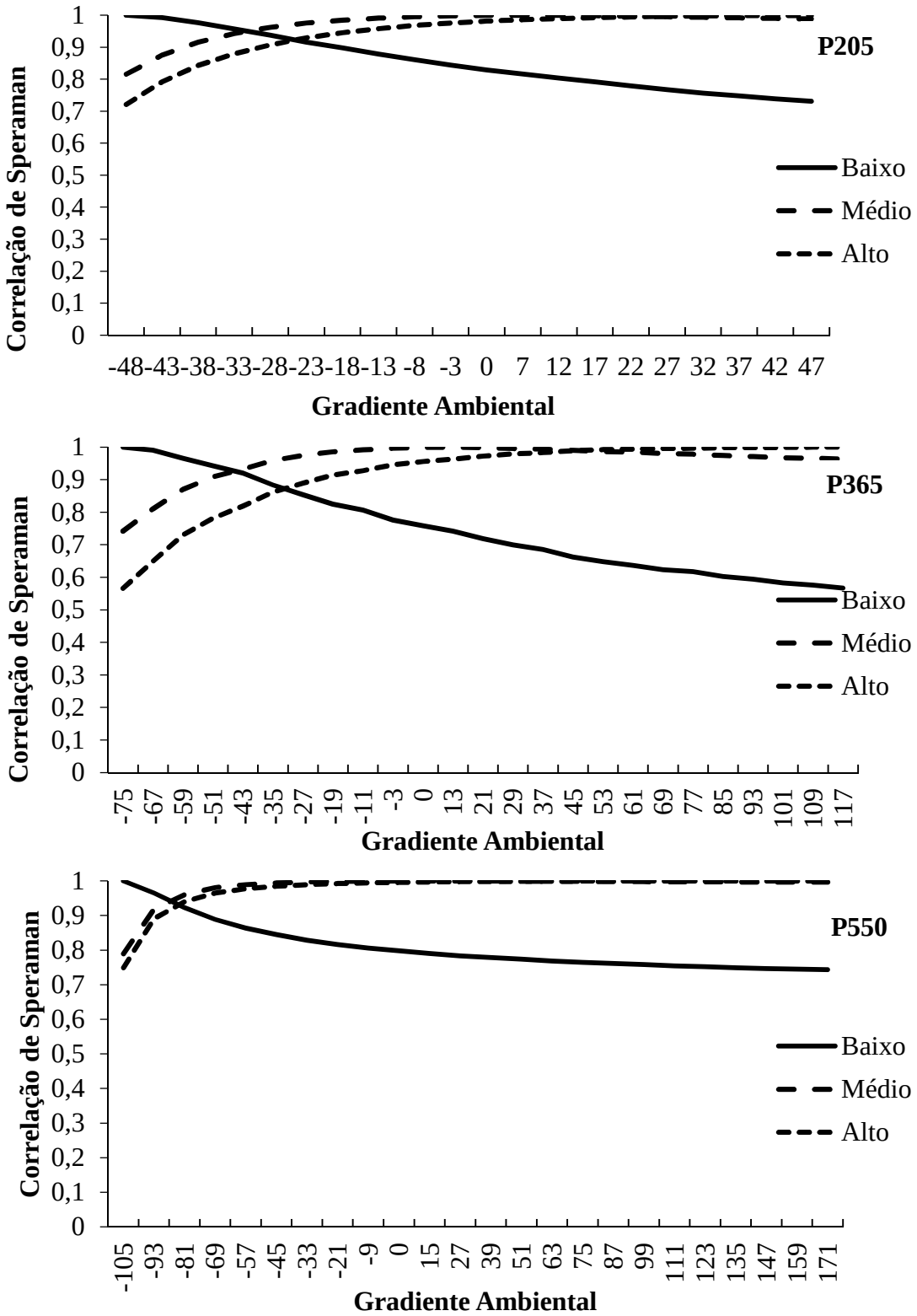
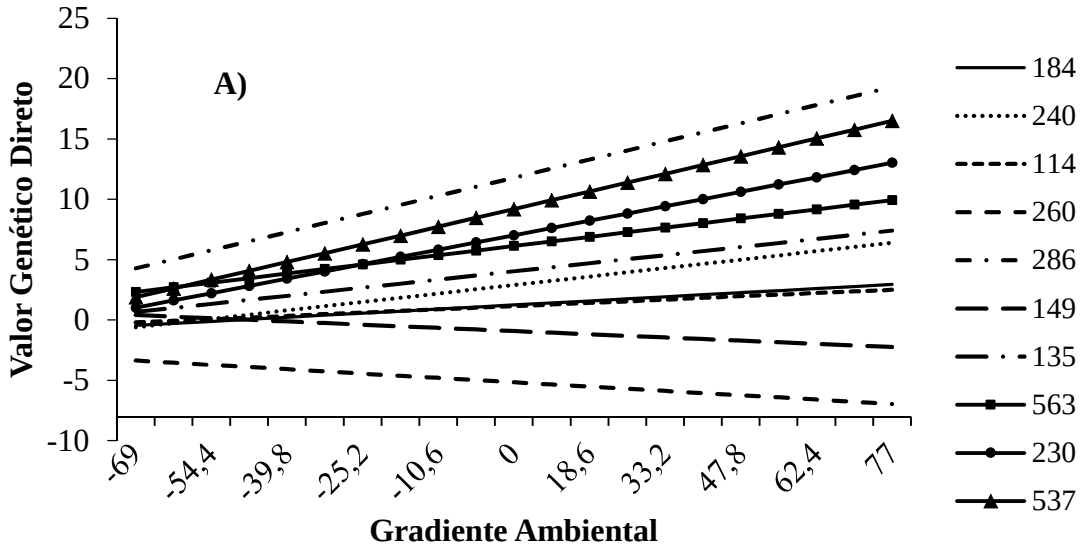


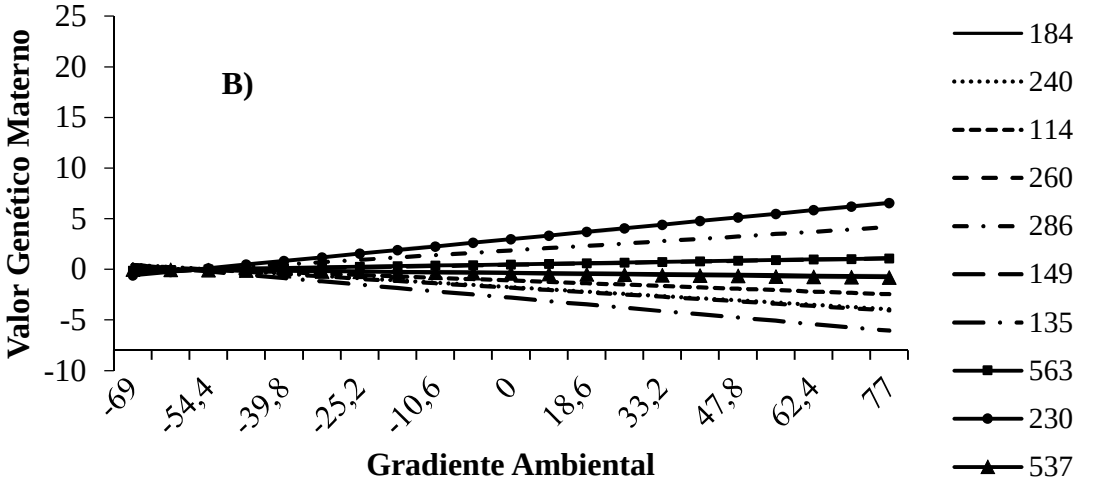
Figura 2 – Correlações de Spearman entre os valore genéticos dos reprodutores para ganho de peso da desmama ao ano (GP345) e peso aos 205, 365 e 550 dias, P205, P365 e P550, respectivamente. As linhas indicam as correlações entre os ambientes baixo (-69, -48, -75 e -105, para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente), médio (0) e alto (77, 47, 117 e 171, para GP345, P205, P365 e P550, respectivamente) e todos os outros ambientes.

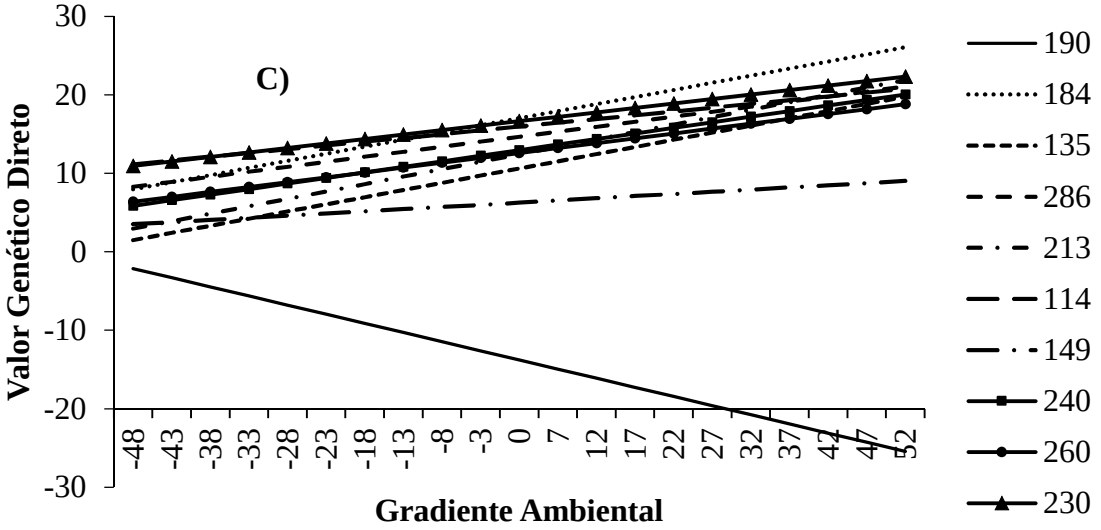
A correlação entre os ambientes médio e alto foi acima de 0,90 para todas as características. Assim, os animais selecionados com base em informações de suas progênies em ambiente médio podem ser utilizados em ambiente alto e vice-versa. Entretanto, a linha do ambiente baixo apresentou correlações menores, especialmente o P365, sugerindo que avaliações genéticas sem considerar a IGA podem levar à utilização equivocada de reprodutores, principalmente se utilizados reprodutores do ambiente baixo no médio e alto.

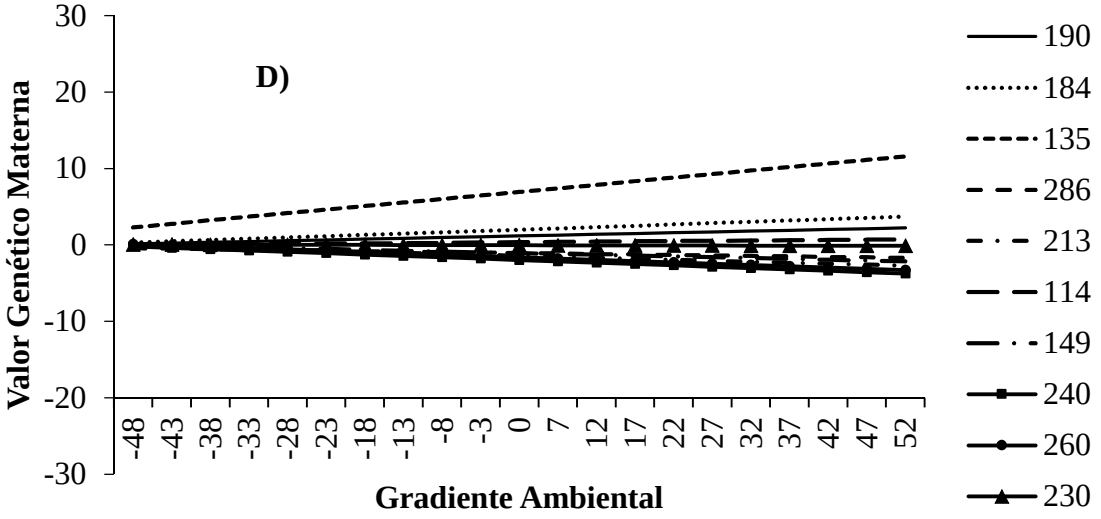
As normas de reação dos 10 reprodutores com maior número de filhos (TOP 10) reforçam a presença de IGA, com efeito escala, e IGA complexa, principalmente para os efeitos diretos (Figura 3). Apesar dos reprodutores terem valores genéticos bem próximos nos piores ambientes, aqueles responsivos, com maiores coeficientes de inclinação, responderam prontamente à melhoria ambiental.

As retas se cruzam em sua maioria nos níveis baixos, contudo, ocorrem ao longo de todo o gradiente ambiente com os valores genéticos dos reprodutores acentuando-se nos ambientes superiores. Em menor intensidade, também foi possível identificar esses efeitos sobre o efeito materno do GP345 e P205 (Figura 3 A e B). Ao reconhecer o tipo de IGA e sua intensidade, é possível identificar potenciais reclassificações dos reprodutores em todo gradiente ambiental, prevendo o desempenho dos animais em diferentes ambientes, permitindo o uso de reprodutores adequados a cada sistema de produção.




B)
Valor Genético Materno
25
20
15
10
5
0
-5
-10
-69
-54,4
-39,8
-25,2
-10,6
0
18,6
33,2
47,8
62,4
77
Gradiente Ambiental
184
240
114
260
286
149
135
563
230
537


C)
Valor Genético Direto
30
20
10
0
-10
-20
-30
-48
-43
-38
-33
-28
-23
-18
-13
-8
-3
0
7
12
17
22
27
32
37
42
47
52
Gradiente Ambiental
190
184
135
286
213
114
149
240
260
230


D)
Valor Genético Materna
30
20
10
0
-10
-20
-30
-48
-43
-38
-33
-28
-23
-18
-13
-8
-3
0
7
12
17
22
27
32
37
42
47
52
Gradiente Ambiental
190
184
135
286
213
114
149
240
260
230

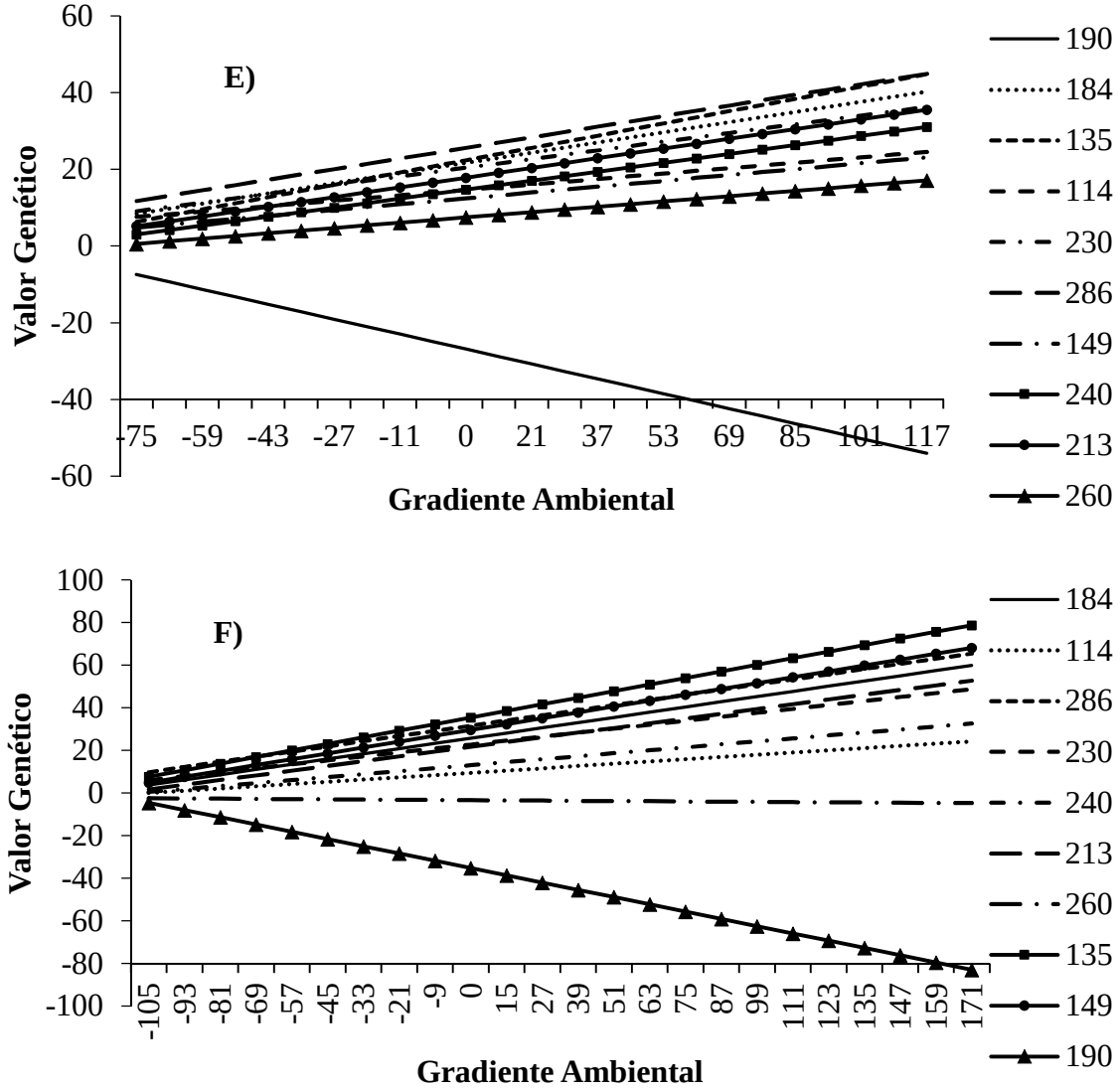


Figura 3 – Normas de reação ao longo do Gradiente ambiental para as características GP345 direto (A) e (B), P205 direto (C) e materno (D), P365 (E) e P550 (F), obtidos para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

O reprodutor 190 deve ser destacado nas características de peso, uma vez que tem o maior número de filhos para o P205 e P365, com coeficiente de inclinação de -0,23 e -0,24 (genótipo plástico), respectivamente. Por ser um reprodutor com coeficiente de inclinação negativo, ele responde negativamente à melhoria do gradiente ambiental, obtendo a pior DEP para os TOP 10, nas características de peso em todo gradiente ambiental. Este reprodutor não deveria estar sendo utilizado tão intensivamente, já que é evidente que existem touros com maiores valores genéticos em todos os ambientes.

O reprodutor 184 possui o maior número de filhos para o P550 e o segundo em número de filhos para o P205 e P365, coeficiente próximo a 0,21 (genótipo plástico). É um animal superior e está, corretamente, sendo utilizado com maior intensidade. Ambrosini et al. (2014b) mostraram, através das normas de reação dos reprodutores, um efeito em escala similar aos efeitos direto e materno do P205, analisando a mesma característica do Nelore Mocho no Nordeste do Brasil.

De acordo com Falconer (1990), a variação na inclinação da norma de reação está diretamente relacionada à IGA, refletindo a sensibilidade ambiental dos genótipos em responder ao ambiente. O desvio padrão das inclinações (b_j) foi de 0,068; 0,016; 0,098; 0,012; 0,105; 0,130, para o GP345 (direto), GP345 (materno), P205 (direto), P205 (materno), P365 e P550, respectivamente. A classificação das inclinações dos animais nas classes propostas permitiu observar poucos genótipos plásticos e extremamente plásticos (Figura 4).

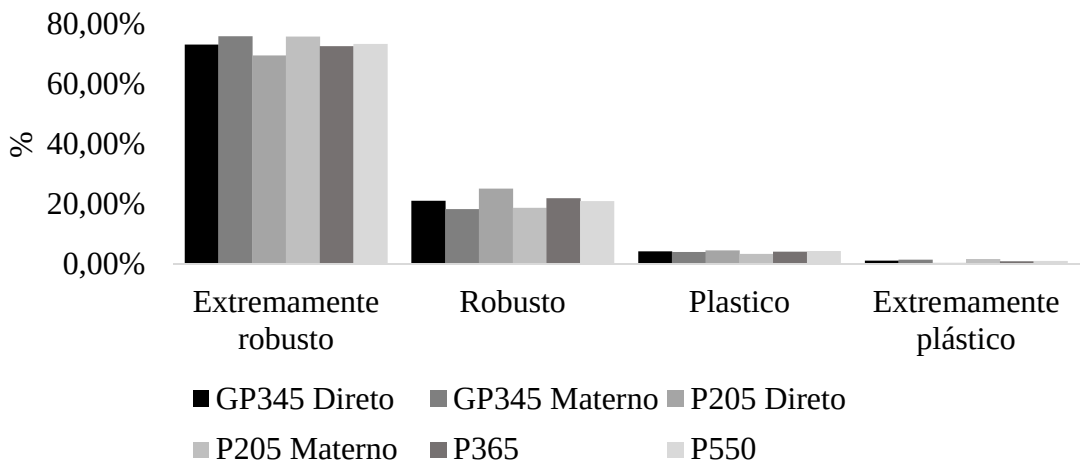


Figura 4 – Porcentagem de animais com genótipos extremamente robustos, robustos, plásticos e extremamente plásticos para a idade ao primeiro parto, intervalo de partos em bovinos Nelore no nordeste do Brasil.

De acordo com Strandberg et al. (2000), o sistema de produção ideal seria aquele que os genótipos apresentassem alto desempenho com inclinação próxima a zero. Na realidade, um animal não conseguirá produzir sem um mínimo de condições necessárias, não importa quão robusto seja esse genótipo. Vários estudos com normas de reação (AMBROSINI, et al. 2012, 2014a e b; CARDOSO & TEMPELMAN, 2012; CORREA, et al. 2010; MATTAR, et al. 2011 e SANTANA JR, et al. 2012) têm

demonstrado que animais robustos tendem a ser menos produtivos e apresentam baixa amplitude de valores genéticos no gradiente ambiental.

Enquanto a maioria dos reprodutores está classificada como extremamente robusto em todas as características, é clara a presença de reprodutores plásticos na população estudada. A média de filhos por reprodutor foi maior nos genótipos plásticos e extremamente plásticos do que nos genótipos robustos e extremamente robustos (Tabela 4), com exceção do P550.

Tabela 4 – Número médio de progênies e valor genético nos diferentes ambientes e genótipos.

Genótipo	Número de reprodutores	Média progênies	Valor genético médio (Baixo)	Valor genético médio (Médio)	Valor genético médio (Alto)
		GP345			
Extremamente Robusto	479	18,71	0,08	0,91	1,75
Robusto	114	34,31	-0,01	0,28	0,57
Plástico	34	45,85	-0,18	-0,69	-1,20
Extremamente Plástico	5	37,80	-0,26	1,65	3,57
		P205			
Extremamente Robusto	1202	26,82	0,08	0,08	0,08
Robusto	448	61,85	0,58	1,53	2,48
Plástico	90	80,06	1,14	3,52	5,90
Extremamente Plástico	16	98,94	-10,37	-23,91	-37,44
		P365			
Extremamente Robusto	1170	19,99	-0,06	-0,24	-0,42
Robusto	417	37,66	0,94	3,15	5,35
Plástico	77	34,10	-1,36	-4,18	-7,00
Extremamente Plástico	12	42,75	-1,83	-5,55	-9,27
		P550			
Extremamente Robusto	977	18,42	-0,02	-0,26	-0,47
Robusto	374	32,23	0,55	3,79	6,76
Plástico	67	26,63	-0,86	-4,56	-7,95
Extremamente Plástico	14	14,43	-3,21	-23,40	-41,90

Os genótipos plásticos foram mais utilizados, o que realça a importância de considerar a inclusão da IGA nas avaliações genéticas, o que é também corroborado pelo aumento progressivo da média dos valores genéticos dos genótipos mais responsivos no gradiente (Tabela 4).

Para ampliar a avaliação do efeito da IGA sobre os ganhos genéticos desta população, as tendências genéticas para as características foram ajustadas para o MA e

para os níveis baixo, médio e alto dos MHNR. Nos efeitos maternos do GP345 e P205, os coeficientes de regressão não foram significativos.

Para o GP345 (direto), o ambiente baixo apresentou coeficientes de regressão não significativos (p>0,489), enquanto o MA e os MHNR, nos ambientes médio e alto, foram significativos a 5% (p<0,05) (Figura 5). Os ganhos nos ambientes médio e alto foram muitos pequenos (0,0430 e 0,0925 kg/ano, respectivamente), se comparados com Laureano et al. (2011) que, utilizando dados da mesma raça no estado de São Paulo em um modelo animal tradicional, encontraram valores bem superiores (0,224 kg/ano). Porém, Holanda et al. (2004) relataram mudanças genéticas anuais intermediárias (0,075 kg/ano) para a mesma característica no gado Nelore. Ainda segundo estes autores, apesar de os ganhos genéticos parecerem pequenos, o progresso durante os anos deve ser considerado, pois as tendências são estáveis e cumulativas ao longo dos anos.

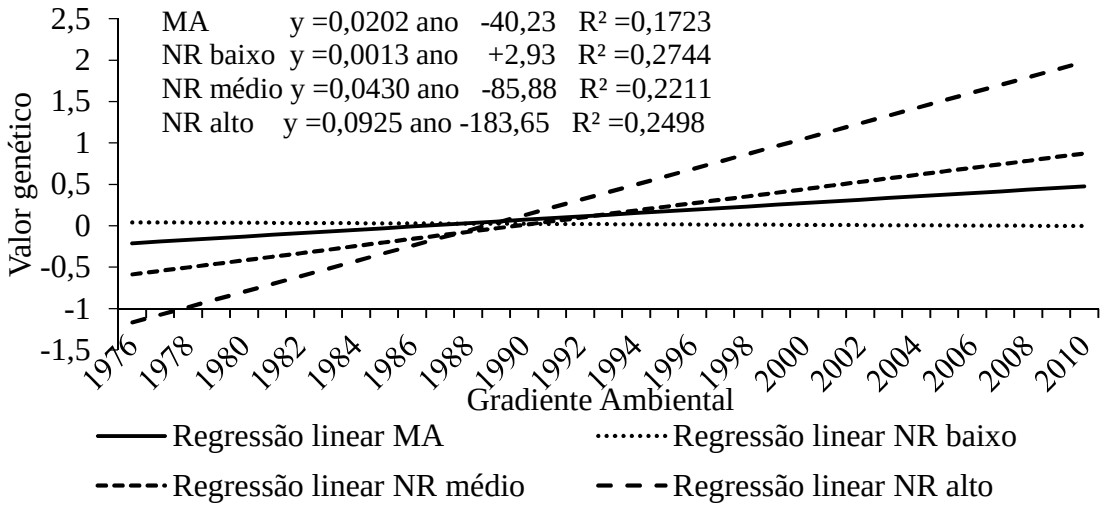


Figura 5 – Tendência genética para a característica GP345 efeito direto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2010.

O fato dos efeitos maternos não serem significativos, muito pequenos ou negativos, é esperado na bovinocultura de corte, já que normalmente é dada ênfase à seleção para efeitos diretos (GONÇALVES et al., 2011). Além disso, esses resultados podem indicar que não está havendo seleção para o componente materno nessas características.

No P205 (direto), todos os coeficientes de regressão foram significativos a 1% (p<0,001) e positivos (0,3784, 0,1363, 0,3343 e 0,5706 kg/ano, respectivamente)

(Figura 6). Lira et al. (2013), utilizando dados da mesma raça nas regiões de trópico úmido do Brasil, também não encontraram coeficiente de regressão linear significativo para efeito materno aos 205 dias de idade, e a tendência genética para o efeito direto encontrada por estes autores foi próxima aos encontrados neste trabalho no MA e ambiente médio (0,3584 kg/ano).

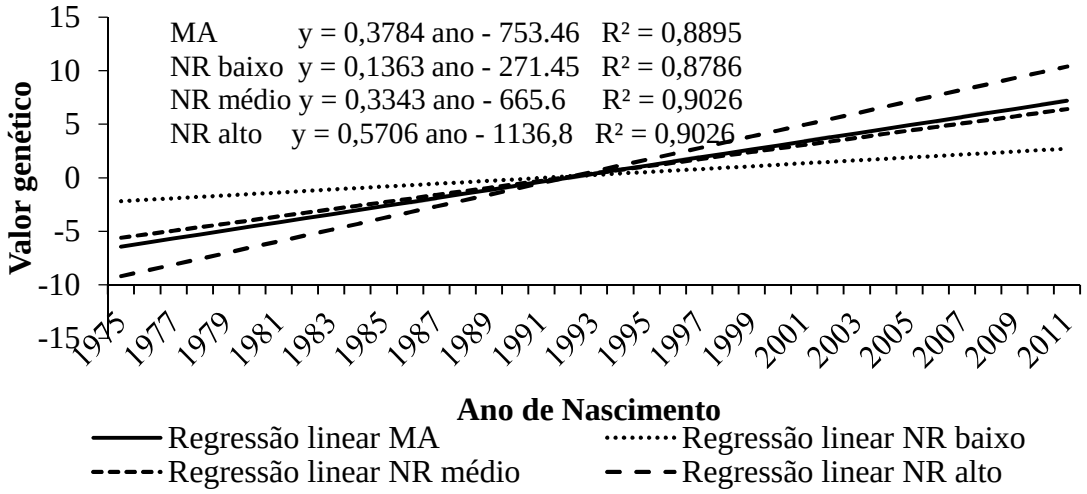


Figura 6 – Tendência genética para a característica P205 efeito direto no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011.

A grande vantagem dos MHNR é que a seleção de animais seja feita para ambientes específicos. Assim, mesmo para ambientes de baixo nível de manejo, em que as diferenças dos valores genéticos dos touros são pequenas, é melhor usar um touro específico, dado as baixas correlações do nível baixo com o médio e alto.

As tendências genéticas para o P365 foram significativas a 1% ($p<0,001$) e positivas (0,3150, 0,1234, 0,3364 e 0,7356 kg/ano, respectivamente) (Figura 7). Apenas o ganho do nível baixo é inferior aos 0,245 kg/ano, encontrado por Lira et al. (2013). Os resultados são superiores aos 0,203 kg/ano, encontrado por Malhado et al. (2010) na raça nelore no nordeste do Brasil. Porém, Lacerda et al. (2014) relataram ganhos de apenas 0,0634, 0,0328 e 0,0489kg/ano, respectivamente, para P205, P365 e P550, analisando o gado Nelore na Bahia.

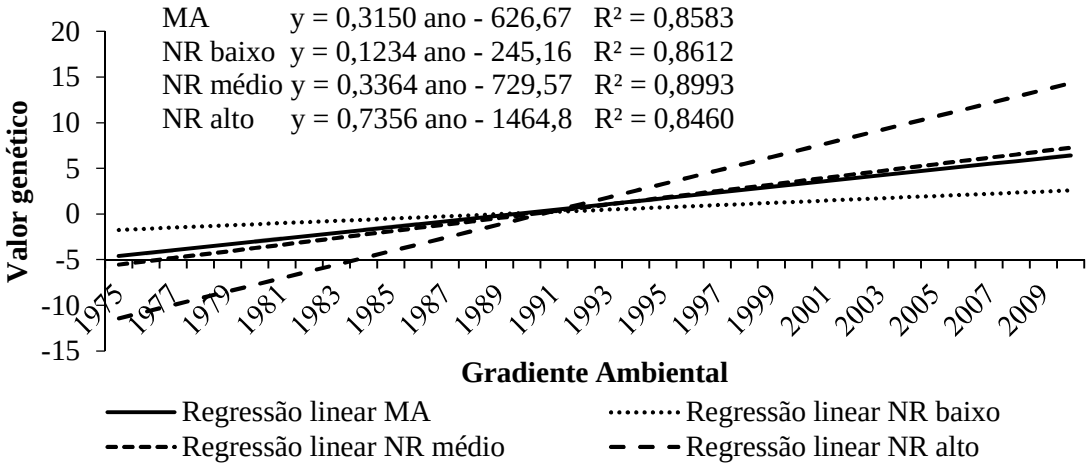


Figura 7 – Tendência genética para a característica P365 no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011.

Para o P550, as tendências foram significativas a 1% ($p<0,001$) e positivas (0,2958, 0,0554, 0,3124, 0,8164 kg/ano, respectivamente) (Figura 8). Com os dados atuais do P550, os ambientes médio e alto proporcionaram maiores ganhos (5,6% e 161% em relação ao MA), o que evidencia que a seleção e uso de animais em ambientes de produção melhores levam a maiores ganhos genéticos.

Para os efeitos diretos, em todos os pesos, as tendências apresentaram comportamento similar, sendo crescentes e constantes durante os 36 anos de estudo, indicando que a seleção de ambientes específicos pode gerar maiores ganhos, desde que seja feita a correta indicação de reprodutores.

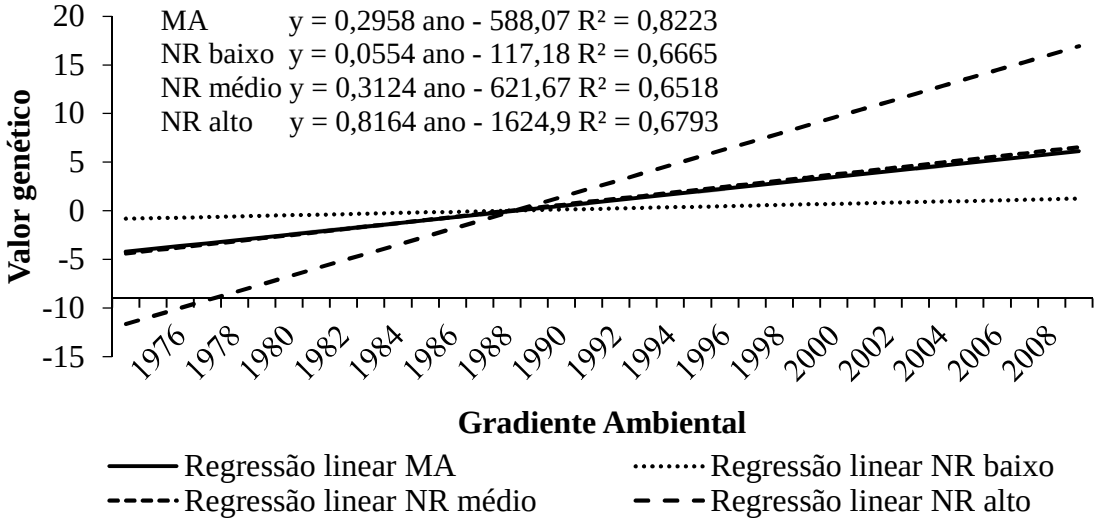


Figura 8 – Tendência genética para a característica P550 no modelo animal e níveis ambientais baixo, médio e alto do modelo de normas de reação no período de 1976 a 2011.

Os resultados obtidos neste estudo são provenientes de associados da ABCZ e são avaliados com base em um modelo animal padrão, em que se ignora a IGA. Se imaginarmos que durante os 36 anos, que compreende os dados deste estudo, fossem implementados modelos que comtemplassem a inclusão da IGA, o ganho genético poderia ser bem maior. Já que a seleção e indicação de reprodutores estariam sendo efetivamente aplicados nos ambientes médio e alto, com consequentes ganhos genéticos bem maiores, e evitando perdas como as proporcionadas pelo uso não adequado de reprodutores.

O maior uso potencial da IGA é identificar se os filhos (as) de um reprodutor de um determinado país ou região teriam bom desempenho em outros locais. Destacando que os descritores ambientais que caracterizam os ambientes de produção não são apenas aqueles apresentados neste trabalho (rebanho, ano e época de nascimento do animal, regime alimentar, condição de criação, sexo), mas também o sistema de criação, manejo recebido e também agentes biológicos, como tipo e carga parasitária e/ou qualquer outra situação que afetam o desempenho ambiental.

Pode haver inúmeros benefícios para se considerar em nossas avaliações genéticas, que os nossos rebanhos estão sob influência de algum tipo de IGA, e irão variar em grau e intensidade de acordo com a espécie animal, estrutura genética e a diversidade ambiental. Portanto, o ambiente de produção, com todo seu potencial dinâmico, precisa ser avaliado e seu efeito incluído nas avaliações genéticas, a fim de se obter ganhos genéticos mais rápidos, mas respeitando o limite biológico dos animais.

Conclusão

Os modelos hierárquicos de normas de reação permitiram identificar o tipo e intensidade da IGA sobre os animais e podem ser utilizados para maximizar o progresso genético, sob condições variáveis de ambiente. As estimativas dos valores genéticos e das herdabilidades aumentaram concomitante a melhoria ambiental e mostram possibilidades de ganhos genéticos, principalmente na seleção e uso de genótipos em ambientes de médio e alto manejo. Apesar de pequeno, está havendo progresso genético constante para desempenho, principalmente nos melhores ambientes.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de produtividade concedida a Raimundo Martins Filho, Carlos Henrique Mendes Malhado e a Paulo Luiz Souza Carneiro; à Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), por ceder os dados; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), pelo apoio financeiro; e à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB).

Referências

BRASIL. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Bovinos e Bubalinos**. 2013. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br>. Acesso em: 17 julho. 2014.

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação Genótipo x Ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

AMARAL, R.S.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D.P. e MALHADO, C.H.M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal,** Salvador, v.15, n.2, p.261-271 abr./jun., 2014.

AMBROSINI, D.P., CARNEIRO, P.L.S., BRACCINI NETO, J., MARTINS FILHO, R., AMARAL, R.S., CARDOSO, F.F. E MALHADO, C.H.M. Reaction norms models in the adjusted weight at 550 days of age for Polled Nellore cattle in Northeast Brazil, **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.43, n.7, p. 351-357, 2014a.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. e CARDOSO, F.F. Interação genótipo × ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; BRACCINI NETO, J.; MARTINS FILHO, R.; AFFONSO, P.R.A.M. e CARNEIRO, P.L.S.Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in Polled Nellore cattle in north-eastern Brazil.**Archiv Tierzucht** v.57, n.32, p. 1-11, 2014b.

CALUS, M.P.L.; GROEN, A.F. e de JONG, G. Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. **Journal Dairy Science,** v.85, n.11, p.3115-3123, 2002.

CARDOSO, F.F. **Aplicação da Inferência Bayesiana no Melhoramento Animal Usando o Programa INTERGEN Versão 1,2**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 34p. (Documentos, 111), 2010.

CARDOSO, F.F. & TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**. v.90, n.7, p.2130-41., 2012.

CARDOSO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F.F.; COBUCI, J.A.; BIASSUS, I.O. e BARCELLOS, J.O.J. Hierarchical Bayesian models for genotype × environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CHIAIA, H.L.J.; DE LEMOS, M.V.A.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; DE OLIVEIRA, H.N. e BALDI, F. Genotype × environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nellore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **Journal Animal Science**. doi:10.2527/jas.2014-8217. 2015.

CORRÊA, M. B. B.; DIONELLO, N. J. L. e CARDOSO, F. F. Genetice valuation of Devon Cattle using a reaction norms model. **Revista Brasileira de Zootecnia** 39:128-133, 2010.

CORREÂ, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-demama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468–1477, 2009.

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L. e CARDOSO, F.F. Genetice valuation of Devon Cattle using a reaction norms model. **Revista Brasileira de Zootecnia** v.39, n.1, p.128-133, 2010.

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. Livestock Production Science, v.78, p.195-214, 2002.

FALCONER, D.S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reactionnorm) and on mean performance. **Genetics Research** v.56, n.1, p.57-70, 1990.

GELFAND, A. E. Model determination usings ampling-based methods. p.145-161. **In:** Markov Chain Monte Carlo in practice. Gilks, W. R.; Richardson, S. and Spiegelhalter, D. J., eds. Champman & Hall, London, 1996.

GEWEKE, J. Evaluating the Acuracy of Sampling-based Approaches to the Calculation of Posterior Moments (with Discussion). **In:** J. O. Berger, J. M. Bernardo, A. P. Dawid and S. A. F. M. (eds.), 1992.

GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G.; GARCIA, D.A.; FARAH, M.M.; MEIRA, C.T. e CRUZ, V.A.R. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia,** v.63, n.1, p.594-598, 2011.

HAMMAMI, H., REKIK, B., GENGLER, N. Genotype by environment interaction in dairy cattle. B**iotechnology, Agronomy, Society and Environment**. v.13, n.1, p.155-164, 2009.

HOHENBOKEN, W.D. e Brinks, J.S. Relationships between direct and maternal effects on growth in Hereford 1- Partitioning of covariance between relatives. **Journal Animal Science**, v.32, n.1, p.26- 34. 1971.

HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C. e SANTORO, K.R. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco. **Archivos Zootecnia**, v.53, p.185-194. 2004.

KIRKPATRICK, M. e HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters**. Journal of Mathematical Biology.** v.27, p.429–450, 1989.

KOLMODIN, R. & BIJMA, P. Response to mass selection when the genotype by environment interaction is modelled as a linear reaction norm. **Genetic Selecion Evolution,** v.36, n.4, p.435–454. 2004.

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

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; DANELL, B. e JORJANI, H. Reaction norms for protein yield and days open in Swedish red and White dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agricultura e Scandinavica**, v.54, 139–151, 2004.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; JORJANI, H. e DANELL, B. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. **Animal Science**. v.76, n.1, p.375–385, 2003.

LACERDA, J.J.D.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R. e MALHADO, C.H.M. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.15, n.1, p.10-19, 2014.

LAUREANO, M.M.M., BOLIGON, A.A., COSTA, R.B., FORNI, S., SEVERO, J.L.P. e ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011.

LIRA, T.S.; PEREIRA, L.S.; LOPES, F.B.; FERREIRA, J.L.; LÔBO, R.B. e SANTOS, G.C.J. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos nelore criados na região do trópico úmido do brasil **Ciência Animal Brasileira**, v.14, n.1, p. 23-31, 2013.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, A.C.M.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R. e LADLE, R.J. Genetic improvement and population structure of the

Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.10, p.1109-1116, 2010.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G. e MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia**.** **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008.

MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D.M.M.R.; SOUZA, J.C. de; OLIVEIRA, S.M.P. Tendência genética para características relacionadas à velocidade de crescimento de bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M. e CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal of Animal Science.** v.89, n.8, p.2349-2355, 2011.

NEWTON, M. A. & RAFTERY, A. E. Approximate Bayesian inference by the weighted likelihood bootstrap (with Discussion). **Journal of the Royal Statistical Society**, series B. v.56, n.1, p.3-48, 1994.

PEGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F. e LOBO. R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetic Molecular Biology**. v.32, n.2, p.281–287, 2009.

R Development Core Team. R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL http://www.R-project.org/, (2011).

RAFTERY, A.E. & LEWIS, S.M. One longrun with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**. v.7, n.4, p.493-497, 1992.

ROBISON, O.W. The influence of maternal effects on the efficiency of selection: a review. **Livestock Production Science**, v.8, n.2, p.121-137, 1981.

ROSO, V. M., & SCHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. **In:** 8th World Congresson Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, MG, Brasil. p communication no 27-26, 2006.

SANTANA JR, M.L.; ELER, J.P.; BIGNARDI, A.B.; MENÉNDEZ-BUXADERA, A.; CARDOSO, F.F. e FERRAZ, J.B. Multi-trait linear reaction norm model to describe the pattern of phenotypic expression of some economic traits in beef cattle across a range of environments. **Journal of Applied Genetics**. [Apenas online], 2014.

SANTANA JR, M.L.; ELER, J.P.; CARDOSO, F.F.; ALBUQUERQUE, L.G. e FERRAZ, J.B.S. Phenotypic plasticity of composite beef cattle performance using reaction norms model with unknown covariate. **Animal**, v.7, n.2, p 202–210, 2012.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MACHADO, C.H. Tendência genética, fenotípica e ambiental para o peso ao desmame de bovinos da raça Indubrasil no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**, v.9, p.18-24, 2007.

SHARIATI, M.M.; SU, G.; MADSEN, P. e SORENSEN, D. Analysis of milk production traits in early lactation using a reaction norm model with unknown covariates. **Journal Dairy Science.** v.90, n.12, p.5759–5766, 2007.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA)**version 1.1.7.2 User's manual. University of Iowa, Iowa, 2007.

SPIEGELHALTER, D. J., BEST, N.G., CARLIN, B.P., e DERLINDE. A. Van. Bayesian measures of model complexity and fit. J. R. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodolog.** v.64, n.4, p.583-616, 2002.

STRANDBERG, E.; KOLMODIN, R.; MADSEN, P.; JENSEN, J. e JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied by use of reaction norms. **Interbull Bulletin**. v.25, n., p.41–45, 2000.

SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R. e JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

VI - CONCLUSÕES FINAIS

O uso inadequado de reprodutores, devido à IGA, pode prejudicar o progresso genético da bovinocultura de corte, sendo fundamental a consideração desta interação nas avaliações genéticas, principalmente se o material genético for utilizado em ambiente muito diferente ao que foi selecionado.

Na população de bovinos da raça Nelore do Nordeste do Brasil, o modelo que melhor se ajustou aos dados foi o modelo normas de reação um passo, sendo o ajuste da variância residual com homocedasticidade, para as características de peso e ganho de peso, e com heterocedasticidade, para as características reprodutivas.

Foi possível identificar a variação nos valores genéticos ao longo do gradiente ambiental, além do progresso genético ao longo dos 36 anos desta população, nos diferentes níveis ambientais.

Em todas as características estudadas, os valores genéticos da maioria dos animais foram robustos à variação ambiental. Porém, quando se considera os reprodutores com maior número de progênies, observou-se evidências de IGA complexa, mesmo em animais com baixo coeficiente de inclinação das normas de reação, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala.