



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

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES EM BUBALINOS  
(*Bubalus bubalis*) DA RAÇA MEDITERRÂNEO VIA NORMAS DE  
REAÇÃO**

Autor: Fernando Barreto Rodrigues  
Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA  
BAHIA – BRASIL  
Novembro de 2014

**FERNANDO BARRETO RODRIGUES**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES EM BUBALINOS  
(*Bubalus bubalis*) DA RAÇA MEDITERRÂNEO VIA NORMAS DE  
REAÇÃO**

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. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA  
BAHIA – BRASIL  
Novembro de 2014

636.082 Rodrigues, Fernando Barreto.

R613i Interação genótipos ambientes em bubalinos (*bubalus bubalis*) da Raça Mediterrâneo via normas de reação. / Fernando Barreto Rodrigues. – Itapetinga-BA: UESB, 2014.

60f.

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. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e co-orientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Bubalinos da raça Mediterrâneo - Herdabilidade. 2. Bubalinos da raça Mediterrâneo – Valor genético. 3. Bubalinos da raça Mediterrâneo – Inferência bayesiana. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, *Campus* de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Título.

**CDD(21): 636.082**

Catálogo na Fonte:

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

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bubalinos da raça Mediterrâneo - Herdabilidade
2. Bubalinos da raça Mediterrâneo – Valor genético
3. Bubalinos da raça Mediterrâneo – Inferência bayesiana

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

**DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO**


**Título:** “Interação Genótipos Ambientales em Bubalinos (*Bubalus bubalis*) da Raça Mediterrâneo via Normas de Reação”.

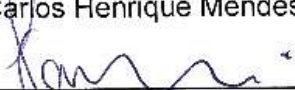
**Autor:** Fernando Barreto Rodrigues

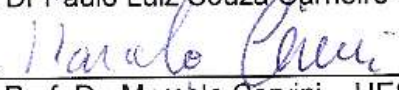
**Orientador:** Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

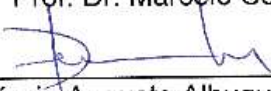
**Co-orientador:** Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

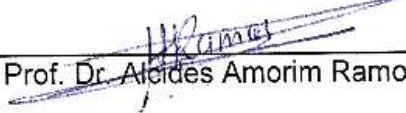
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr Carlos Henrique Mendes Malhado - UESB

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Marcelo Cervini – UESB

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Sérgio Augusto Albuquerque Fernandes - UESB

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Alcides Amorim Ramos - UNESP

Data de realização: 10 de novembro de 2014

“A persistência é o melhor caminho para o êxito.”

*Charles Chaplin*

Ao

meu pai, que sempre olha por mim, e à minha mãe, pelo amor incondicional.  
Vocês foram o início de tudo.

À

minha família, minha esposa Hellen e meu filho Vítor Henrique,  
pelo amor dispensado.

À

minha tia-mãe, Lena, imprescindível na minha  
formação...

DEDICO

## AGRADECIMENTOS

Meus sinceros agradecimentos a todas as pessoas que contribuíram de alguma maneira para que este título fosse conquistado;

Ao meu professor orientador, Carlos Malhado, pela dedicação, amizade e empenho. Sempre será lembrado como um exemplo para a minha vida pessoal e acadêmica;

Ao meu professor co-orientador, Paulo Carneiro, pelo conhecimento transmitido, pela amizade e paciência. Agradeço eternamente;

Ao professor Alcides, pela atenção em todos os momentos, contribuição na construção dos dados e nos ensinamentos dispensados;

Aos meus professores Paulo Bonomo, Daniela Deitos, Paulo Afonso e Marcelo Cervini, pelos valiosos momentos de aprendizado;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, através do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade oferecida;

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Norte de Minas Gerais - *Campus* Salinas, nas pessoas, da Prof.<sup>a</sup> Maria Araci Magalhães e do Prof. Thiago Moreira, por permitir que esta formação acontecesse;

Aos colegas de trabalho, pela força, palavras de incentivo e orações, em especial, ao meu irmão Ricardo Cardozo, sempre companheiro;

A todos os meus verdadeiros amigos e colegas de doutorado, Yann, Mario, Eva, Bárbara, Andréia, Jarbas, Isabella, Aracele, Laaina, Zé Lauro, Marcela e, em especial, ao meu amigo Diego que foi fundamental na construção deste trabalho. Com vocês, tudo ficou mais leve!

A mais abençoada família que Deus poderia ter me presenteado: a minha esposa Hellen, incentivadora, corretora ortográfica e tudo de mais lindo que existe na minha vida; ao meu lindo filho Vítor Henrique; às minhas mães, Dona Bina e Tia Lena; ao meu irmão Felipe; à minha sogra Dona Fátima e cunhados Anderson e Cris: vocês são o motivo da minha alegria e de todas as minhas buscas;

Ao Meu Deus, Senhor a quem rendo todas as honras e glórias.

## **BIOGRAFIA**

Fernando Barreto Rodrigues, filho de Rebeldino Rodrigues Sobrinho e Abnivaldes Barreto Rodrigues, nasceu em São Paulo, no dia 03/10/1981.

Em fevereiro de 2006, concluiu o curso de Ciências Biológicas, na Universidade Estadual de Montes Claros.

Em julho de 2009, concluiu o Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, em nível de Mestrado, na Universidade Estadual de Montes Claros.

Em março de 2012, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, realizando estudos na área de Melhoramento Animal.



## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS .....	viii
LISTA DE TABELAS .....	ix
RESUMO.....	x
ABSTRACT.....	xi
I – REFERENCIAL TEÓRICO.....	1
1.1. Introdução.....	1
1.2. Bupalinos.....	2
1.3. Interação Genótipos Ambientes.....	3
1.4. Gradiente Ambiental.....	4
1.5. Normas de Reação .....	4
1.6. Homogeneidade e Heterogeneidade de variância.....	6
1.7. Referências .....	7
II – OBJETIVOS GERAIS.....	12
III – CAPÍTULO I.....	13
Resumo.....	13
Abstract .....	14
Introdução .....	15
Material e Métodos.....	16
Resultados e Discussão .....	19
Conclusões .....	26
Referências .....	26
IV – CAPÍTULO II.....	31
Resumo.....	31
Abstract .....	32
Introdução .....	33
Material e Métodos.....	34

	vii
Resultados e Discussão .....	37
Conclusões .....	42
Referências .....	42
V CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	46

## LISTA DE FIGURAS

	Página
FIGURA 1. Herdabilidades da característica P205 para os efeitos direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.	22
FIGURA 2. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto (A) e materno (B) obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.	23
FIGURA 3. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) no gradiente ambiental.	26
FIGURA 4. Herdabilidades diretas da característica P365 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.	39
FIGURA 5. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.	40
FIGURA 6. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos direto e o gradiente ambiental.	42

## LISTA DE TABELAS

	Página
TABELA 1. Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos	20
TABELA 2. Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).	21
TABELA 3. Correlações de Spearman entre as classificações dos 50% dos reprodutores com maiores valores genéticos abaixo da diagonal e com 100% dos reprodutores acima da diagonal, obtidas pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação (MHNRRHO <sub>1P</sub> ) para os diferentes níveis ambientais.	25
TABELA 4. Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos	37
TABELA 5. Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).	38
TABELA 6. Média e Desvio Padrão da variância ambiental (VE), variância aditiva (VA) e herdabilidade ( $h^2$ ) em diferentes níveis de ambiente (X) considerando variância residual homogênea.	39
TABELA 7. Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (50% abaixo da diagonal e 100% acima da diagonal), obtidas pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação (MHNRRHO <sub>1P</sub> ) para os diferentes níveis ambientais.	41

## RESUMO

RODRIGUES, Fernando Barreto. **Interação Genótipos Ambientes em Bubalinos (*Bubalus bubalis*) da Raça Mediterrâneo via Normas de Reação**. Itapetinga, BA: UESB, 2014. 46 p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).\*

A bubalinocultura de corte no Brasil vem aumentando de forma significativa nos últimos anos, contribuindo para o crescimento econômico e social do país. Porém, não existe na literatura estudos sobre interação genótipos ambientes (IGA) em bubalinos de corte. Este trabalho objetivou verificar a presença da IGA em bubalinos da raça Mediterrâneo, no Brasil, para o peso aos 205 (P205) e 365 (P365) dias de idade, por meio de modelos de normas de reação, via regressão aleatória. Foram testados o modelo animal padrão (MA) e os modelos de normas de reação (MNR), adotando duas metodologias: modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR<sub>2p</sub>) e modelo hierárquico norma de reação com um passo (MHNR<sub>1p</sub>); e duas pressuposições (homocedasticidade e heterocedasticidade). Baseado em três critérios de comparação, o modelo hierárquico homoscedástico de norma de reação um passo (MHNRHO<sub>1p</sub>) apresentou o melhor ajuste para as duas características. Para essas características, as variâncias genéticas e herdabilidades aumentaram com a melhora do ambiente. Para o P205, ficou evidenciada a IGA pelos valores de correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação e pela mudança nos valores genéticos dos animais. Dessa maneira, o uso do reprodutor pode ser direcionado de acordo com o ambiente de criação. Para o P365, houve mudança nos valores genéticos diretos (efeito escala) de alguns reprodutores, demonstrando a IGA. As correlações de Spearman foram altas tanto na comparação do MA com os MNR, como entre os níveis de baixa, média e alta qualidade do MHNRHO<sub>1p</sub>. Dessa forma, constatou-se interação genótipo ambiente, contudo, sem mudança significativa no ranqueamento dos reprodutores.

**Palavras-chave:** herdabilidade, inferência bayesiana, valor genético

---

\* Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado, Dr. UESB e Co-orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, Dr. UESB.

## ABSTRACT

RODRIGUES, Fernando Barreto. **Genotype Environment Interaction in Mediterranean Buffaloes (*Bubalus bubalis*) by Reaction Norms**. Itapetinga, BA: UESB, 2014. 46 p. Thesis. (Ph.D. in Animal Science, Area of Concentration in Ruminants Production). \*

The meat bubaline in Brazil has increased in a significant way in the last few years, contributing to economic and social growth of the country. However, there is not studies in the literature on genotypes environments interaction (GEI) in meat bubaline. Our study aimed at verifying the presence of GEI in the Mediterranean bubaline breed in Brazil, for the weight to 205 (W205) and 365 (W365) days of age, using reaction norms models via random regression. We tested the standard animal model (AM) and the reaction norms models (RMN), adopting two methodologies: hierarchical reaction norm model with two steps (HRNM<sub>2s</sub>) and hierarchical reaction norm model with one step (HRNM<sub>1s</sub>) and two assumptions (homoscedasticity and heteroscedasticity). Based on three criteria of comparison, the homoscedastic hierarchical model of reaction norms one step (HMRNHO<sub>1s</sub>) presented the best fit for both traits. For these characteristics, the genetic variances and heritability increased with the improvement of the environment. For the W205 was evidenced the GEI by the correlation values between the slope and the intercept of the reaction norm and for the change in the animal breeding values. Thus, the use of the bull may be directed according to the creation environment. For the W365 there was a change in direct values (scale effect) of some breeding demonstrating the GEI. The Spearman correlations were high as in the AM compared with the RNM as between the levels of low, medium and high management of HOHRNM<sub>1s</sub>, Thus, it was found GEI, however without significant change in the rank of breeding.

**Keywords:** Heritability, Bayesian inference, genetic value.

---

\* Adviser: Carlos Henrique Mendes Malhado, Dr. UESB and Coadviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, Dr. UESB.

## I – REFERENCIAL TEÓRICO

### 1.1. Introdução

Os primeiros bubalinos chegaram ao Brasil no início do século XX, na Ilha do Marajó, no estado do Pará e, depois, principalmente entre os anos 1940 e 1960, juntamente com a importação de Zebus, chegaram alguns búfalos das raças Murrah e Jafarabadi e encontraram condições ideais de pastagens, água e temperatura (Borghese, 2005).

O Brasil apresenta o maior rebanho nas Américas, com aproximadamente 1,277 milhões de cabeças, registrando um aumento de 7,8% em relação ao ano anterior (IBGE, 2011). Contudo, a Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB) estima um rebanho de cerca de 3 milhões de cabeças. A bubalinocultura vem aumentando devido à facilidade de manejo e ao desenvolvimento mais rápido para o abate, além da aceitação da carne e do leite no mercado consumidor (ABCB, 2014).

Os animais brasileiros são encontrados principalmente nos estados do Pará, Maranhão, Ceará, Pernambuco, Rio Grande do Norte, Minas Gerais, Bahia, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul. Esses estados apresentam uma grande diversidade edafoclimáticas e de sistemas de produção, além de uma grande diferença histórica, econômica e de recursos naturais que afeta a produção animal.

Em relação ao melhoramento genético de bubalinos de corte, ainda existe carência de informação sobre as estimativas dos parâmetros genéticos (Rodrigues et al., 2010). Nesse sentido, não existem estudos abordando a interação genótipos versus ambientes (IGA) nestes animais. Sabendo que os bubalinos são criados em diferentes ambientes de produção, torna-se fundamental verificar a existência de IGA nesta espécie. A aplicação das funções de covariância, obtidas através dos modelos de regressão aleatória (Kirkpatrick et al., 1990; Gomulkiewicz et al., 1992) possibilitam uma alternativa de estudar a norma de reação dos genótipos às variações gradativas no ambiente de produção e, assim, encontrar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental.

## 1.2. Bubalinos

A população mundial de bubalinos tem aumentado nos últimos anos, passando de 168 milhões de cabeça em 2005 para 195 milhões em 2011 (FAO, 2011), ocupando um papel importante na produção de alimentos em países em desenvolvimento. Os bubalinos são destinados às mais diversas atividades econômicas, sendo considerado um animal de triplo propósito por estar adaptado à produção de leite, carne e trabalho (Bastianetto, 2009). No Brasil, a exploração de búfalos destinava-se, principalmente, à produção de carne, porém, a partir da década de 80, verificou-se interesse crescente na exploração leiteira ou com duplo propósito (carne e leite).

A maior abrangência dos bubalinos é em áreas tropicais e temperadas, principalmente em ambientes que apresentam períodos secos e chuvosos bem delimitados. Os bubalinos necessitam de sombreamento, para diminuir a incidência de radiação solar diretamente no animal, e água para ingestão e imersão. De acordo com Kamal et al.(1993), os bubalinos apresentam grande capacidade de aclimação, resistência às intempéries ambientais, adaptação em ambientes pantanosos e grande capacidade de digerir forragens com alto teor de fibra bruta. Assim, quando praticada em pequenas propriedades, a bubalinocultura gera ganhos substanciais às famílias agrícolas e, por isso, tem-se mostrado relevante instrumento de progresso social (Castro, 2005; Bernardes, 2007). Os bubalinos apresentam maior resistência às infecções parasitárias, intoxicações por plantas tóxicas e ao desenvolvimento de patologias em comparação com os bovinos (Amaral & Escrivão, 2005). Além disso, a carne de búfalo apresenta menor acúmulo de gordura entre os grupos musculares (Oliveira, 2005), sendo comprovadamente mais saudável que a carne bovina, pois possui cerca de 40% menos colesterol, 12 vezes menos gordura, 55% menos calorias e melhores índices de proteínas e sais minerais (ABCB, 2014).

No Brasil, os bubalinos estão distribuídos em todo território nacional e a Associação Brasileira de Criação de Bubalinos (ABCB) reconhece quatro raças: Mediterrâneo, Murrah, Jafarabadi (búfalo-de-rio) e Carabao (búfalo-de-pântano). A raça Mediterrâneo apresenta origem italiana, possui aptidão para produção de carne, tem porte médio e é medianamente compacta.

A maioria dos criadores de bubalinos do Brasil adota o regime de criação extensivo, caracterizado pela falta de controle zootécnico e, em muitas ocasiões, desconhece os parâmetros genéticos, produtivos e reprodutivos (Tonhati, 1997). Na



última década, devido ao esforço de alguns criadores e pesquisadores, iniciaram-se programas de avaliação genética de bubalinos. Nesse sentido, em 2001, foi publicado o primeiro sumário de búfalos (Ramos et al., 2001) e, em 2004, foi publicado o segundo sumário (Ramos et al., 2004), ambos analisados estatisticamente pelo método dos modelos mistos (BLUP), considerando o modelo animal completo e ausência de interação genótipos versus ambientes (IGA) no cálculo dos valores genéticos.

### **1.3. Interação Genótipos Ambientes**

A interação genótipos ambientes (IGA), inicialmente, era estudada através da metodologia da correlação genética. Atualmente, outras metodologias para o estudo da IGA são aplicadas, tais como o uso dos modelos de normas de reação ao ambiente (Kolmodim & Bijma, 2004).

O ambiente não pode modificar a constituição genética de um determinado indivíduo, mas sim, a expressão do genótipo. Por isso, existe a possibilidade de que o melhor genótipo em um determinado ambiente não o seja em outro (Warwick & Legates, 1980). Assim, a presença da IGA caracteriza-se pela resposta diferenciada de genótipos às variações ambientais (Falconer & Mackay, 1996). Um mesmo genótipo pode produzir diferentes fenótipos em diferentes condições ambientais, e genótipos diferentes podem produzir fenótipos semelhantes, dependendo dos ambientes.

Além do fator supracitado, outro elemento importante para o estudo da IGA são os efeitos epigenéticos, que estão relacionados com as modificações químicas do DNA. Esses efeitos não alteram a sequência nucleotídica do DNA, mas alteram a probabilidade da transcrição dos genes (Peaston & Whitelaw, 2006). Variações epigenéticas entre indivíduos geneticamente idênticos parecem associados com diferenças nos respectivos fenótipos e o epigenoma parece ser influenciado pelo meio ambiente dos indivíduos (Whitelaw & Whitelaw, 2006).

A IGA pode causar alteração na classificação dos genótipos em ambientes diferentes, mudanças de magnitude relativa e absoluta das variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas (Corrêa et al., 2009), podendo ser considerada de quatro maneiras diferentes, conforme Pani (1971): (I) mesmo em ambientes diferentes, os genótipos se comportam de maneira similar e não há interação; (II) há uma pequena inversão na classificação dos genótipos, existindo interação, mas não significativo; (III)

não há inversão na classificação dos genótipos, mesmo apresentando grandes diferenças nos diferentes ambientes, sendo a interação significativa; (IV) inversão na ordem de classificação dos genótipos nos ambientes diferentes e a interação é significativa.

Os materiais genéticos recomendados como superiores para certos países e condições de criação podem não o ser para outros países/regiões e em condições ambientes diferentes (Pereira, 2008). Apesar da importância da IGA, a incorporação deste novo componente de variação nas avaliações genéticas não é uma realidade no Brasil (Ribeiro et al., 2006). É importante o estabelecimento de programas de avaliações genéticas que visem identificar animais superiores e ajustados ao ambiente de exploração.

#### **1.4. Gradiente Ambiental**

O gradiente ambiental é bem definido em experimentos de laboratório ou em experimentos de campo bem controlados com plantas (Shariati, 2007). Em avaliações genéticas de animais domésticos, os gradientes ambientais são definidos através dos efeitos ambientais, como rebanho ou efeitos de rebanho-ano, que envolvem manejo, sanidade, nutrição, tempo, clima e particularidades dos indivíduos de um grupo de contemporâneos.

No modelo de norma de reação para o estudo da IGA, o ambiente é classificado sobre qualquer escala e as características devem ter continuidade fisiológica sobre o ambiente, distinguindo a capacidade dos genótipos serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais (De Jong & Bijma, 2002).

Como para estes modelos o gradiente ambiental é desconhecido, pode-se estimá-lo por meio de um modelo animal e, em seguida, utilizar estas estimativas como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória (Kolmodin et al., 2002). Já Su et al.(2006) propuseram um processo de estimação conjunta e simultânea do gradiente ambiental e da norma de reação. Isso diminui o viés causado no procedimento que usa informação prévia do modelo Animal.

#### **1.5. Normas de Reação**

Em 1909, Woltereck criou o termo norma de reação (NR), estudando a variação do tamanho da carapaça de clones de *Daphnia* (pequeno crustáceo) em lagos da Alemanha (Gabriel & Linch,1992).

A norma de reação descreve o fenótipo expresso por um genótipo como função do ambiente, sendo útil quando os fenótipos mudam gradualmente e continuamente sob gradiente ambiental. O modelo de normas de reação pode ser generalizado para um número infinito de ambientes, possibilitando estudar a norma de reação dos animais para variações no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (De Jong, 1995). A vantagem deste modelo é que a resposta à seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica às mudanças no ambiente (De Jong & Bijma, 2002).

Os modelos de normas de reação, para estudar a IGA, têm sido encontrados em vários trabalhos com diferentes espécies de interesse zootécnicos, como em aves (Felipe et al., 2012), suínos (Knap & Su, 2008) e bovinos (Côrrea, 2009; Mattar et al., 2011; Ambrosini et al., 2012; Ambrosini et al., 2014).

Nos modelos de normas de reações são atribuídos a cada animal avaliado dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e linear) que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. A magnitude do componente de variância atribuído ao coeficiente de regressão linear é útil para se poder avaliar a existência da IGA. Coeficientes de pequena magnitude indicam que as normas de reação dos animais avaliados são quase paralelas em diferentes ambientes. Coeficientes de regressão linear de maior magnitude indicam maior sensibilidade às alterações ambientais, podendo, dessa forma, ser constatada alterações na classificação dos animais.

Utilizando funções de covariância, obtidas pelos modelos de regressão aleatória, por meio dos quais se obtém a norma de reação 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.

Os animais mais sensíveis às alterações ambientais são chamados de genótipos plásticos e os animais menos sensíveis são chamados de genótipos robustos (Falconer e Mackay, 1996). A importância da plasticidade fenotípica nos estudos de IGA é que ela possibilita identificar animais que responderiam de maneira positiva a ambientes de alta qualidade e vice-versa ou de animais com desempenhos pouco variáveis, conforme o ambiente (Mattar et al., 2009).

Duas metodologias foram propostas para os modelos hierárquicos de normas de reação: modelo hierárquico norma de reação com dois passos – MHNR<sub>2p</sub> e modelo

hierárquico norma de reação com um passo – MHNR<sub>1P</sub>. No MHNR<sub>2P</sub>, primeiro estima-se o efeito ambiental médio de rebanho, assumindo efeito genético médio para todos os ambientes e, em sequência, são estimados os efeitos genéticos e de IGA com base nas estimativas ambientais obtidas previamente no modelo animal (Kolmodin et al.,2002). Já no MHNR<sub>1P</sub>, inferem-se os valores ambientais de forma simultânea com os outros parâmetros do modelo (Su et al. 2006).

### **1.6. Homogeneidade e Heterogeneidade de variância**

Normalmente, as avaliações genéticas de bubalinos assumem homogeneidade de variância genética e residual entre os efeitos fixos do modelo estatístico. Entretanto, inúmeros trabalhos (Boldman & Freeman, 1990; Dong & Mao, 1990; Torres, 1998; Araújo et al.,2008) relatam a existência de heterogeneidade de variância genética e residual entre rebanhos, grupos de contemporâneos ou outras classificações dos efeitos ambientais (Cavalheiro et al.,2002). Se ignorada, a heterogeneidade de variância genética e/ou residual pode ocasionar a redução da precisão dos valores genéticos preditos e, conseqüentemente, a redução da resposta à seleção (Garrick & Van Vleck, 1987), risco de selecionar maiores proporções de animais dos rebanhos de maior variabilidade fenotípica e não necessariamente de maior valor genético (Hill et al., 1983), dificuldade na seleção dos animais provenientes de diferentes rebanhos (Costa et al.,2004; Carneiro Júnior et al.,2007), diminuição da acurácia das avaliações genéticas dos animais candidatos à seleção e dos parâmetros genéticos (Carneiro Júnior et al.,2007), diminuição no ganho genético anual e perdas econômicas (Costa et al.,2004; Carneiro Júnior et al.,2007).

A modelagem, considerando as variâncias residuais heterogêneas para cada classe, pode melhorar a partição da variação total, mas proporciona aumento no número de parâmetros a serem estimados. O número elevado de parâmetros dos modelos, a estrutura de covariâncias e o fato das matrizes de incidência serem mais densas que para os modelos convencionais, podem dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância, sendo entraves para utilização da metodologia de normas de reação, considerando heterogeneidade para avaliações genéticas em conjuntos com grande volume de dados (Corrêa, 2007).

Vários estudos não têm apresentado grandes alterações na classificação dos animais em razão da heterogeneidade de variâncias (Boldman & Freeman, 1990;

Canavesi et al., 1995). Outros trabalhos têm comprovado alteração na ordem de classificação dos animais, quando considerada ou não a heterogeneidade de variância (Crews & Franke 1998; Oliveira et al., 2001).

Em relação aos trabalhos com o uso de modelos de normas de reação como Mattar et al. (2011) e Ambrosini et al.(2014), o modelo com homogeneidade de variância foi o que melhor se ajustou aos dados.

### 1.7. Referências

AMARAL, F.R.;ESCRIVÃO, S.C. Aspectos relacionados à búfala leiteira. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.29, n.2, p.111-117, 2005.

AMBROSINI DP, MALHADO CHM, NETO JB, FILHO RM, AFFONSO PRAM, CARNEIRO PLS. Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in polled nellore cattle in North-eastern Brazil. **Archiv Tierzucht**.v.57,p;1-11, 2014.

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

ARAÚJO, C.V.; CARDOSO, A.M.C.; RAMOS, A.A.; ARAÚJO, S.I.; MARQUES, J.R.F.; TOMAZINI, A.P.; CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah mediante inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, n.3, p.416-425, 2008.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE BÚFALOS-ABCB. Disponível em: <[www.bufalo.com.br](http://www.bufalo.com.br)>. Acesso em: 27 maio 2014.

BASTIANETTO, E. Criação de búfalos no Brasil: situação e perspectiva. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, n.6, p.98-103, 2009. Suplemento.

BERNARDES, O. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.31, n.3, p.293-298, 2007.

BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.2, p.503-512, 1990.

BORGHESE, A. **Buffalo production and research**. Roma: FAO, 2005.

CANAVESI, F.; SCHAEFFER, L.R.; BURNSIDE, E.B.; JANSEN, G. B.; ROZZI, P. Sire by herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. I. Expected genetic progress. **Journal of Animal Breeding Genetic**, v.112, n.1-6, p.95-106, 1995.

CARNEIRO JUNIOR, J.M.; ASSIS, J.M.L.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. Estimação de componentes de variância utilizando-se inferência Bayesiana e frequentista em dados simulados sob heterogeneidade de variâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.5, p.1539-1548, 2007.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S.; ALBURQUERQUE, L.G. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupo de contemporâneo na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.

CASTRO, A.C. **Avaliação de sistema silvipastoril através do desempenho produtivo de búfalos manejados nas condições climáticas de Belém, Pará**. 2005. 87f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal do Pará, 2005.

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

CORRÊA, M.B.B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória**. 2007. 88 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2007.

COSTA, C.N.; MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; LEDIC, I.L. Heterogeneidade de (Co) variância para as produções de leite e de gordura entre vacas puras e mestiças da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.555-563, 2004.

CREWS, D.H.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. **Journal of Animal Science**, v.76, n.7, p.1803-1809, 1998.

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

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, n.3, p.195-214, 2002.

DONG, M.C.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intra-herd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.3, p.843-851, 1990.

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

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. **Agriculture data**. 2011. Disponível em: <<http://www.fao.org/corp/estatistics/en/>>. Acesso em: 18 abr. 2013.

GABRIEL, W.; LYNCH, M. The selective advantage of reaction norms for environmental tolerance. **Journal of Evolutionary Biology**, v.5, p.41-59, 1992.

GARRICK, D.J.; VAN VLECK, L.D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, v.65, n. 2, p.409-421, 1987.

GOMULKIEWICZ, R.; KIRKPATRICK, M. Quantitative genetics and the evolution of reaction norms. **Evolution**, v.46, n.2, p.390-411.1992.

HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A.; THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. **Animal Science**, v.36, n.1, p.59-68, 1983.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção da Pecuária Municipal**. 2011. v.38. Disponível em: <[ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\\_Pecuaria/Producao\\_da\\_Pecuaria\\_Municipal/2011/ppm2011.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2011/ppm2011.pdf)>. Acesso em: 9 set. 2014.

KAMAL, T.; SHEBAITA, M.; IBRAHIM, I. Physiological responses of lactating buffaloes to shed type. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM. Prospects of buffalo production in the Mediterranean and the Middle East. Cairo, **Proceedings...** Cairo, Egito, Nov.1993.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N.A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.27, n.5, p.429-450, 1990.

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, n.4, p.435-454, 2004.

KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, n.1, p.11-24, 2002.

MATTAR, M.; CARDOSO, F.F.;ALENCAR, M.M. Plasticidade fenotípica e heterogeneidade de variâncias para o peso ao sobreano de bovinos Canchim via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009, Maringá, **Anais...** Maringá: SBZ, 2009. 1 CD-ROM.

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

OLIVEIRA, A.L. Búfalos: produção, qualidade de carcaça e de carne alguns aspectos quantitativos, qualitativos e nutricionais para promoção do melhoramento genético. **Revista Brasileira Reprodução Animal**, v.29, p.122-134, 2005.

OLIVEIRA, C.A.L.; MARTINS, E.N.; FREITAS, A.R.; ALENCAR, M. M. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1212-1219, 2001.

PANI, S.N. **Genetic x environment interaction in sire evaluation**. Missouri: [s. n.], 1971. 138 p.

PEASTON, A.; WHITELOW, E. Epigenetics and phenotypic variation in mammals. **Mammalian Genome** v.17, n.5, p.365-374, 2006.

PEREIRA J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5. ed. Belo Horizonte: Editora FEPMVZ, 2008.

RAMOS, A.A.; VAN ONSELEN, V.J.; GONÇALVES, H.C. **PROMEBUL**: sumário de touros bubalinos. Botucatu: UNESP/FMVZ, 2001. Boletim Técnico, 1. 20p. Disponível em: [http://www.fmvz.unesp.br/bufalos/HPBufalos\\_files/promebul/SUMARIO\\_2002.pdf](http://www.fmvz.unesp.br/bufalos/HPBufalos_files/promebul/SUMARIO_2002.pdf). Acesso em: 10 set. 2014

RAMOS, A.A.; WECHSLER, F.S.; VAN ONSELEN, V.J. **PROMEBUL**: sumário de touros bubalinos. Botucatu: UNESP/ FMVZ, 2004. 39 p. Boletim Técnico, 2.

RIBEIRO, S.; ELER, J.P.; FORMIGONI, I.B.; PEDROSA, V.B.; BALIEIRO, J.C.C.; MATTOS E.C.M.; FERRAZ J.B.S. Influence of genotype x environment interaction on weaning weight of Nellore cattle. In: WORLD CONGRESSE GENETIC APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte, **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. 1 CD-ROM.

RODRIGUES, A.E.; MARQUES, J.R.F.; ARAÚJO, C.V.; CAMARGO JÚNIOR, R.N.C.; DIAS, L.N.S. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.3, p.712-717, 2010.

SHARIATI, M.M. Statistical aspects and application of reaction norm models. **Tese**, University of Copenhagen, Copenhagen, 2007.

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

TONHATI, H. Melhoramento genético de bufalinos para carne e leite. In: OLIVEIRA, G.J.C.; ALMEIDA, A.M.L.; SOUZA FILHO, U.A.S. **O búfalo no Brasil**. Cruz das Almas: UFBA-Escola de Agronomia, 1997. p. 101-113.

TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. 1998. 124 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 1998.



WARWICK, E.J.; LEGATES, J.E. **Cría y mejora del ganado**. 3. ed. México: McGraw-Hill, 1980. 623 p.

WHITELAW, N. C. WITHLAW, E. How lifetimes shape epigenotype with and across generations. **Human Molecular Genetics**, v.15, n.2, p.131-137, 2006.

## **II – OBJETIVOS GERAIS**

- Caracterizar a presença da (IGA) na população de animal da raça Mediterrâneo através de norma de reação;
- Avaliar qual modelo proposto melhor se ajusta aos dados.
- Caracterizar a interação genótipo versus ambiente para os efeitos, direto e materno, da característica peso aos 205 dias e para o efeito direto da característica peso 365 dias de idade.

### III – CAPÍTULO I

## **Interação Genótipos Ambientales para o Peso aos 205 dias de idade em Bubalinos (*Bubalus bubalis*) da Raça Mediterrâneo via Normas de Reação**

### **Resumo**

No Brasil, a bubalinocultura tem aumentado expressivamente. Porém, ainda existe carência de informação, quando se trata de avaliações genéticas em bubalinos de corte. Dessa maneira, objetivou-se verificar a presença da Interação Genótipos Ambientales (IGA) em bubalinos da raça Mediterrâneo, no Brasil, para o peso aos 205 dias de idade, por meio de modelos de normas de reação, via regressão aleatória. Foram testados o modelo animal padrão (MA) e os modelos de normas de reação, adotando duas metodologias: modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR<sub>2p</sub>) e modelo hierárquico norma de reação com um passo (MHNR<sub>1p</sub>) e duas pressuposições: uma com homoscedasticidade e outra com heteroscedasticidade de variância residual. Baseado em dois critérios de comparação (Critério de Informação da Deviance e Deviance Baseada nos Fatores de Bayes), o modelo hierárquico homoscedástico de norma de reação um passo (MHNRHO<sub>1p</sub>) apresentou o melhor ajuste. As estimativas de herdabilidade direta para esse modelo variaram de 0,17 a 0,67 e as estimativas de herdabilidades materna de 0,02 a 0,11 com o aumento do gradiente ambiental. Assim, à medida que melhora o ambiente, aumenta a proporção dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais da variação fenotípica, comprovando mudanças dos parâmetros genéticos, conforme o ambiente em que os animais são criados. As menores correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores foram na comparação do MHNRHO<sub>1p</sub>, em ambientes de baixo manejo e o de alto manejo, confirmando a presença da interação genótipos ambientes. Com isso, os animais recomendados como geneticamente superiores em ambientes de manejo alto não necessariamente são os mesmos recomendados para os ambientes de manejo baixo, necessitando do estabelecimento de programas de avaliação genética em bubalinos que visem identificar os animais superiores para ambientes específicos.

**Palavras-chave:** gradiente ambiental, inferência bayesiana, valor genético

## Abstract

Buffalo breeding has increased significantly in Brazil over recent years. However, they have rarely been the subject of genetic evaluations. The objective of this study was therefore to assess Genotype Environment Interactions (GEI) in the Mediterranean Water Buffalo in Brazil, for weight at 205 days of age, using reaction norm models via random regression. We assessed fit using two hierarchical reaction norm models: a two-step (HRNM<sub>2s</sub>) and a one-step (HRNM<sub>1s</sub>) model. We also modelled two assumptions about residual variance: homoskedasticity and heteroskedasticity. Model fit was estimated using the Deviance Information Criterion and by Deviance Based on Bayes Factors. The best fit was obtained for the hierarchical reaction norm model with one-step (HOHRNM<sub>1s</sub>) assuming homoskedasticity. Direct heritability estimates for this model ranged from 0.17 to 0.67 and the maternal heritability from 0.02 to 0.11 with increasing environmental gradient. Lower correlations among the sire classifications were obtained in comparison with HOHRNM<sub>1s</sub> in environments with low and high management, confirming the presence of genotype environment interactions. Given these results we recommend the wider application of genetic evaluation in buffalo aimed at identifying optimal genotypes within specific environments.

**Keywords:** environmental gradient, bayesian inference, breeding value.

## Introdução

Nos últimos anos, o crescimento da pecuária Bubalina no Brasil é, proporcionalmente, superior ao dos bovinos (Malhado et al., 2007). Os bubalinos, com um efetivo de aproximadamente 1,277 milhões de cabeças, registraram um aumento de 7,8% em relação ao ano anterior (IBGE, 2011). O aumento do efetivo de bubalinos no país vem acontecendo devido às características químicas do leite e da carne, à maior resistência às infecções por endo e ectoparasitas (Bastianetto, 2009), maior rusticidade, que permite a ocupação de 100% da área disponível, maior fertilidade, maior longevidade e menor índice de mortalidade em comparação aos bovinos (Bernardes, 2007).

Acompanhando a expansão da bubalinocultura no Brasil, diversos estudos, principalmente em bubalinos leiteiros, foram publicados (Tonhati et al., 2002; Tonhati, 2010; Marcondes, 2011). Contudo, ainda existe carência de informações sobre estimativas de parâmetros genéticos em búfalos de corte. Adicionalmente, não existe na literatura informações sobre interação genótipos versus ambientes (IGA) nestes animais.

No Brasil, os trabalhos com IGA são importantes devido às diferentes condições edafoclimáticas e se a IGA não for considerada, os valores genéticos podem ser viesados, reduzindo a resposta à seleção (Streit et al., 2012). Os efeitos da IGA são conhecidos em bovinos (Côrrea, 2009; Franco, 2011; Mattar et al., 2011; Ambrosini et al., 2012), suínos (Knap & Su, 2008), codornas (Santos et al., 2008; Georg et al., 2009), porém, não se conhece a resposta dos bubalinos de corte em diferentes ambientes.

Atualmente, diferentes modelos de normas de reação (MNR) são utilizados para descrever a mudança gradual do fenótipo sobre um gradiente ambiental. Os MNR possibilitam 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). A vantagem desses modelos é que a resposta à seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica às mudanças no ambiente (De Jong & Bijma, 2002). Assim, o objetivo deste estudo foi verificar a presença da IGA em bubalinos da raça Mediterrâneo, no Brasil, para o peso aos 205 dias de idade (P205), por meio de modelos de normas de reação via regressão aleatória.

## Material e Métodos

Foram utilizados registros de animais da raça Mediterrâneo, nascidos entre 1988 e 2009, de cinco fazendas distribuídas nas regiões Norte (1), Nordeste (1), Sul (2) e Sudeste (1) do Brasil, cedidos pelo Programa de Melhoramento de Bubalinos (PROMEBUL). O banco de dados inicial continha 5.280 registros de peso aos 205 dias de idade (P205). Foram excluídos 605 animais com registro de peso menor que 70 kg e maior que 360 kg e 90 animais com registros em grupos contemporâneos (GC) com três ou menos observações e com média de peso acima de +3 desvio padrão do GC. Além destes, eliminou-se 778 búfalos e búfalas que apresentaram número de filhos menor que dois e 194 animais que estavam em arquipélagos secundários ou desconectados. Dessa forma, utilizou-se um arquivo final com 3613 animais, os quais apresentaram média de  $195,3 \pm 32,7$  kg para a característica P205.

Inicialmente, foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, usando rotinas criadas por Cardoso (2007), em linguagem SAS (SAS, 2002). Os GC foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, contendo: ano, estação, rebanho e sexo. As estações de nascimento foram agrupadas em quatro classes (estação 1: setembro, outubro e novembro; estação 2: dezembro, janeiro e fevereiro; estação 3: março, abril e maio; estação 4: junho, julho e agosto).

A conexão dos GC foi baseada no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC. Na preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, foram incluídos somente GC conectados. A conectabilidade dos GC resultou em três arquipélagos: o primeiro com 113 GC e 3613 animais; o segundo com 31 GC e 127 animais; e o terceiro com 12 GC e 55 animais, além de 8 GC com 12 animais desconectados. Para as análises, foi utilizado somente o arquipélago principal.

A primeira análise realizada com o programa INTERGEN (Cardoso, 2010) foi com o modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos. Posteriormente, realizaram-se as análises para os modelos de normas de reação.

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, 2008).

O modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental, o qual, posteriormente, foi usado como covariável nos modelos de normas de reação, foi:

$$\text{MA: } y_{ij} = x_i' + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij} \quad (1)$$

Em que;  $y_{ij}$  é o registro do animal  $i$  no ambiente  $j$ ;  $x_i'$ , que corresponde ao vetor de incidência;  $X_j$ , efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo);  $a_i$ , valor genético aditivo do animal  $i$ ;  $m_i$ , valor genético materno do animal  $i$ ;  $ep_i$ , efeito de ambiente permanente materno e,  $e_{ij}$ , erro residual;

Usaram-se os modelos hierárquicos de normas de reação adotando duas metodologias: modelo hierárquico norma de reação com dois passos – MHNR<sub>2p</sub> e modelo hierárquico norma de reação com um passo – MHNR<sub>1p</sub>.

A primeira metodologia proposta por Kolmodin et al. (2002) utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, chamado modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR<sub>2p</sub>), cujas equações são:

$$\text{MHNR}_{2p}: y_{ij} = x_i' + \Phi X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i} \hat{X}_j + b_{2i} \hat{X}_j + e_{ij} \quad (2)$$

Em que;  $\Phi$  = coeficiente de regressão fixo;  $a_i$ = valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal  $i$ ;  $m_i$ = valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal  $i$ ;  $ep_i$ , efeito de ambiente permanente materno;  $b_{1i}$ =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação direta;  $b_{2i}$ =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna;  $i$  no ambiente representado por  $\hat{X}_j$ ;  $\hat{X}_j$  = preditor de  $X_j$  obtido no (1) e  $e_{ij}$  = erro residual.

A segunda metodologia foi proposta por Su et al. (2006), chamada de modelo hierárquico de norma de reação um passo – MHNR<sub>1p</sub>, no qual as estimativas dos efeitos ambientais foram obtidas junto com a norma de reação dos animais, em que  $X_j$  e  $b_i$  são conjuntamente estimados como no modelo abaixo:

$$MHNR_{1P}: Y_{ij} = x_i' + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij} \quad (3)$$

Duas diferentes pressuposições foram adotadas para a variância residual: uma com homoscedasticidade e outra com heteroscedasticidade. Os cinco modelos testados no trabalho foram: modelo animal (MA), modelo hierárquico homoscedástico de norma de reação um passo (MHNRHO<sub>1P</sub>) e dois passos (MHNRHO<sub>2P</sub>), modelo hierárquico heteroscedástico de norma de reação um passo (MHNRHE<sub>1P</sub>) e dois passos (MHNRHE<sub>2P</sub>).

As variâncias genéticas, aditiva direta e materna no ambiente X,  $\sigma_A^2 | X$  e  $\sigma_m^2 | X$ , foram obtidas por:

$$\sigma_A^2 | X = \text{var}(a_i + b_{1i}X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

$$\sigma_m^2 | X = \text{var}(m_i + b_{2i}X_j) = \sigma_m^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{m,b}x$$

As herdabilidades foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h_a^2 | X = \frac{\sigma_a^2 | X}{\sigma_a^2 | X + \sigma_m^2 | X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2 | X}$$

$$h_m^2 | X = \frac{\sigma_m^2 | X}{\sigma_a^2 | X + \sigma_m^2 | X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2 | X}$$

Em que:  $\sigma_e^2 | X$  = variância residual no ambiente X, obtido por  $\sigma_e^2 | X = \sigma_e^2 \hat{n}^x$ , no modelo heteroscedástico simplificado e  $\sigma_e^2$  no modelo homoscedástico, no qual  $n$  = variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por Cardoso et al.(2005b).

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas usando-se abordagem Bayesiana por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), adotando o seguinte procedimento: a) rodou-se uma amostra piloto com 25.000 ciclos, 2.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para salvamento (*thinning*); b) utilizando o arquivo resposta “*varcompsam*”, e o pacote do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) – Bayesian Output Analysis – BOA (Smith, 2007), aplicou-se o teste Raftery & Lewis (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); e c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de



Heidelberg & Welch (1983). Ao final, as análises foram rodadas com cadeias que variaram de 440.000 e 1.350.000 ciclos.

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de Geweke (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por  $l_i^{(j)} = \log p(y | \theta^{(j)}, M_i)$ , das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por Brooks & Roberts (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{(\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B)}{\sqrt{\frac{1}{n_A} \hat{S}_i^A(O) + \frac{1}{n_B} \hat{S}_i^B(O)}}$$

$$\text{Em que } \bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}, \bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}, n_A=270.000, n_B=1.350.000, n^*=1.350.001$$

e com  $\hat{S}_i^A(O)$  e  $\hat{S}_i^B(O)$ , sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero, obtida pelo procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2002), para os primeiros  $n_A$  e últimos  $n_B$  ciclos da cadeia MCMC de comprimento  $m$ . Valores absolutos extremos do escore  $Z_i$ , para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

O ajuste dos diferentes modelos (MA, MHNRRHO<sub>2P</sub>, MHNRRHO<sub>1P</sub>, MHNRRHE<sub>2P</sub> e MHNRRHE<sub>1P</sub>) aos dados foi avaliado através de três critérios: Critério de Informação da Deviance (DIC), Deviance baseada nos Fatores de Bayes (BF) e Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional – (CPO).

## Resultados e Discussão

Os dois modelos hierárquicos normas de reação heteroscedástico com pressuposição de heterogeneidade de variância residual (MHNRRHE<sub>1P</sub> e MHNRRHE<sub>2P</sub>) não convergiram e, conseqüentemente, optou-se por apresentar apenas os resultados para os modelos animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO<sub>1P</sub>) e modelo hierárquico normas de reação homoscedástico dois passos (MHNRRHO<sub>2P</sub>).

O MA e MHNHRHO<sub>2P</sub> convergiram a 5% ( $p>0,05$ ) para todos os parâmetros, enquanto, para o MHNHRHO<sub>1P</sub>, os parâmetros convergiram a 1% ( $p>0,01$ ) pelo teste de Geweke (Z) (Tabela 1).

**Tabela 1.** Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos.

Parâmetros	Teste de Geweke	Modelos		
		Animal	NHNHRHO <sub>1P</sub>	MHNHRHO <sub>2P</sub>
VC1	Z	-0,19	1,19	1,45
	P-valor	0,85	0,23	0,15
VC2	Z	0,69	-0,78	-1,35
	P-valor	0,49	0,44	0,18
VC3	Z	-1,05	-1,04	-1,28
	P-valor	0,29	0,30	0,20
VC4	Z	0,56	-1,55	-1,32
	P-valor	0,58	0,12	0,19
VC5	Z	-0,08	1,43	1,85
	P-valor	0,93	0,15	0,06
VC6	Z	0,21	-0,51	0,82
	P-valor	0,83	0,61	0,41
VC7	Z		-2,27	-0,95
	P-valor		0,02	0,34
VC8	Z		-1,11	-1,29
	P-valor		0,27	0,19
VC9	Z		1,67	1,25
	P-valor		0,09	0,21

VC1 – Variância do Grupo de Contemporâneo (MHNHR); VC1 – Variância efeito genético direto (MA); VC2 – Variância do intercepto da norma de reação (Efeito Direto) (MHNHR); VC2 – Variância do efeito genético materno (MA); VC3 – Variância da inclinação da norma de reação (Efeito Direto) (MHNHR); VC3 – Correlação entre variância do efeito genético direto e materno (MA); VC4 – Correlação entre Nível e Inclinação da Norma de Reação (Efeito Direto) (MHNHR); VC4 – Variância do efeito de ambiente permanente materno (MA); VC5 – Variância do intercepto da norma de reação (Efeito Materno) (MHNHR); VC5 – Variância do Grupo de Contemporâneo (MA); VC6 – Variância da inclinação da norma de reação (Efeito Materno) (MHNHR); VC6 – Variância do erro residual (MA); VC7 – Correlação entre Nível e Inclinação da Norma de Reação (Efeito Materno) (MHNHR); VC8 – Variância do efeito de ambiente permanente materno (MHNHR); VC9 – Variância do erro residual (MHNHR).

Baseado em dois critérios de comparação de modelos (DIC e BF), o MHNHRHO<sub>1P</sub> teve melhor ajuste (Tabela 2). Este resultado está de acordo com os encontrados por Cardoso et al.(2007); Corrêa et al.(2007); Cardoso et al.(2011); Mattar et al.(2011), que avaliaram o ganho de peso padronizado pós-desmama para as raças Angus, Devon, Hereford e Canchim, respectivamente.

**Tabela 2.** Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).

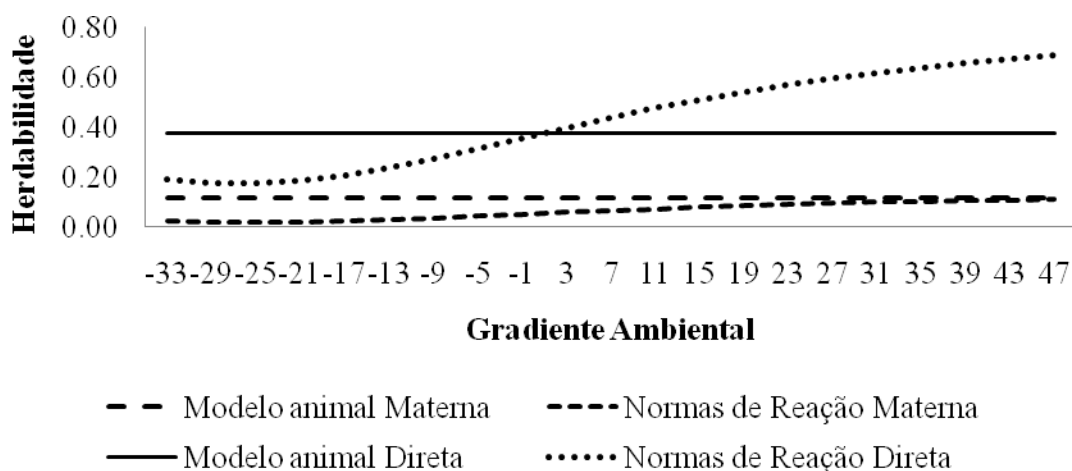
Modelos	DIC	CPO	FB
Modelo Animal	36353,23 <sup>(3)</sup>	34031,45 <sup>(3)</sup>	32869,11 <sup>(3)</sup>
MHNRHO <sub>1P</sub>	33016,15 <sup>(1)</sup>	33657,24 <sup>(2)</sup>	32827,13 <sup>(1)</sup>
MHNRHO <sub>2P</sub>	33472,1 <sup>(2)</sup>	33607,42 <sup>(1)</sup>	32858,77 <sup>(2)</sup>

1, 2 e 3 : indicam a classificação do melhor ajuste

As estimativas de herdabilidades (direta e materna) para o modelo animal foram 0,38 e 0,12, respectivamente. Malhado et al.(2008), usando a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), encontraram valores maiores (0,42±0,06) de herdabilidade direta e menores (0,05±0,03) de herdabilidade materna nesta raça para o peso aos 205 dias de idade.

As soluções do gradiente ambiental variaram de -33 a 47 kg, caracterizando níveis ambientais de baixo a alto nível de manejo (Figura 1). As estimativas de herdabilidade direta do MHNRHO<sub>1P</sub> variaram de 0,17 a 0,67 e as estimativas de herdabilidades materna de 0,02 a 0,11 (Figura 1). As variâncias genéticas (direta e materna) e as herdabilidades aumentaram com o incremento do gradiente ambiental. À medida que melhora o ambiente, aumenta a proporção dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais da variação fenotípica. Isso comprova as mudanças dos parâmetros genéticos, conforme o ambiente em que os animais são criados, e acentua as diferenças entre os animais mais responsivos, corroborando os estudos em bovinos de Cardoso et al. (2005a), Kolmodin et al. (2002), Su et al. (2006), Cardoso et al. (2007) e Cardoso & Tempelman (2012).

Os dados do nosso estudo corroboram os relatados por Corrêa et al. (2009) e Cardoso et al. (2011) que, utilizando o MHNRHO, encontraram herdabilidades diretas com valores próximos aos do nosso estudo (0,29 a 0,70) para ganho pós-desmama de bovinos Devon e de 0,07 até 0,64 para ganho pós-desmama de bovinos Hereford, respectivamente.



**Figura 1.** Herdabilidades da característica P205 para os efeitos direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

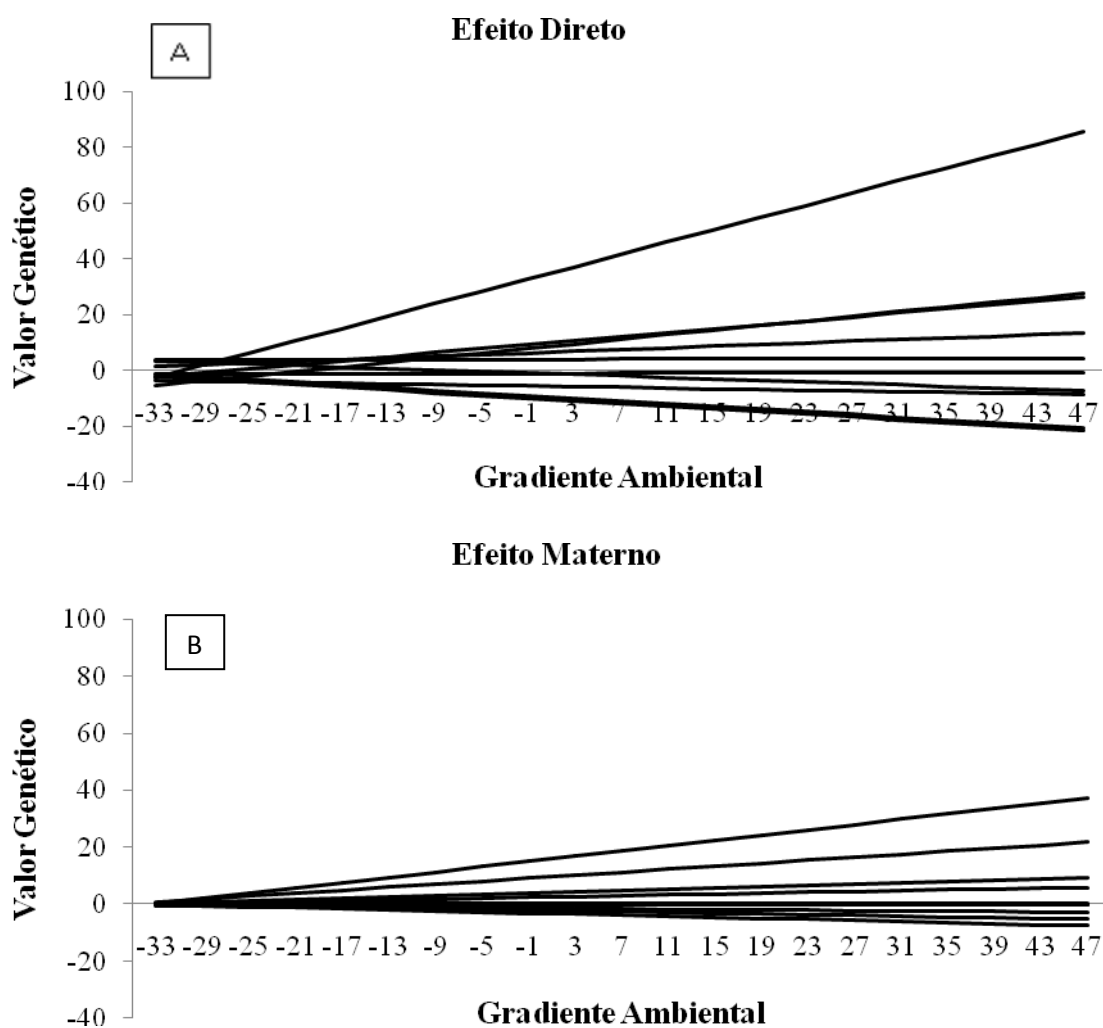
A média *a posteriori*, obtida após o ajuste dos dados no  $MHNRHO_{1P}$ , da correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação, foi alta para o efeito direto e materno ( $0,82 \pm 0,06$  e  $0,87 \pm 0,15$ , respectivamente). Os animais com maiores valores genéticos direto e materno, para o peso aos 205 dias, responderam à melhoria do ambiente (Figura 2). Assim, à medida que o ambiente torna-se favorável, aumenta a diferença entre os valores genéticos dos animais, uma vez que esses indivíduos têm possibilidades de expressarem seu potencial. Esse resultado está de acordo com resultados de outros estudos de normas de reação para o crescimento e características de produção em bovinos (Cromie, 1999; Kolmodin et al., 2002.; Fikse et al., 2003.; Corrêa et al., 2009).

Mudança nos valores genéticos (direto e materno) de alguns reprodutores conforme o ambiente reforçam a presença de interação genótipos ambientes (Figura 2A e 2B). Mattar et al. (2009), Cardoso et al.(2005a) e Ambrosini (2012) encontraram mudança na ordem de classificação dos indivíduos ao mudar o ambiente, o que é caracterizado como efeito escala, no peso ao sobreano de bovinos Canchim, no ganho pós-desmama de bovinos Angus e no peso aos 205 dias de bovinos Nelore Mocho, respectivamente.

As inclinações das normas de reação variaram de  $-1,47$  a  $1,32$  graus para o efeito direto, sendo que 47,06% dos animais (2046) podem ser classificados como genótipos robustos e intermediários (inclinações entre  $-0,20$  e  $0,20$  graus). Genótipos plásticos ( $-1,47$  a  $-0,20$  e  $1,32$  a  $0,20$ ) foram observados em 52,94% dos animais (2301). No efeito materno, as inclinações variaram de  $-0,17$  a  $0,46$  graus e 86,2% dos

animais (3749) apresentaram genótipos robustos e intermediários com inclinações entre  $-0,20$  e  $0,20$  graus. Os genótipos plásticos corresponderam a apenas 13,8% dos animais (598), evidenciando menor efeito da IGA.

Os resultados demonstram a importância de considerar a IGA nas avaliações genéticas, com o objetivo de se buscar melhor desempenho em ambientes distintos, selecionando genótipos robustos altamente produtivos, ou privilegiando genótipos plásticos que respondam positivamente às melhorias do ambiente.



**Figura 2.** Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto (A) e materno (B) obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

As correlações de Spearman entre as classificações dos 50% reprodutores com maiores valores genéticos variaram de -0,40 a 0,97 nos diferentes ambientes e modelos. Quando se usou todos os reprodutores, os valores variaram de 0,27 a 0,99 (Tabela 3).

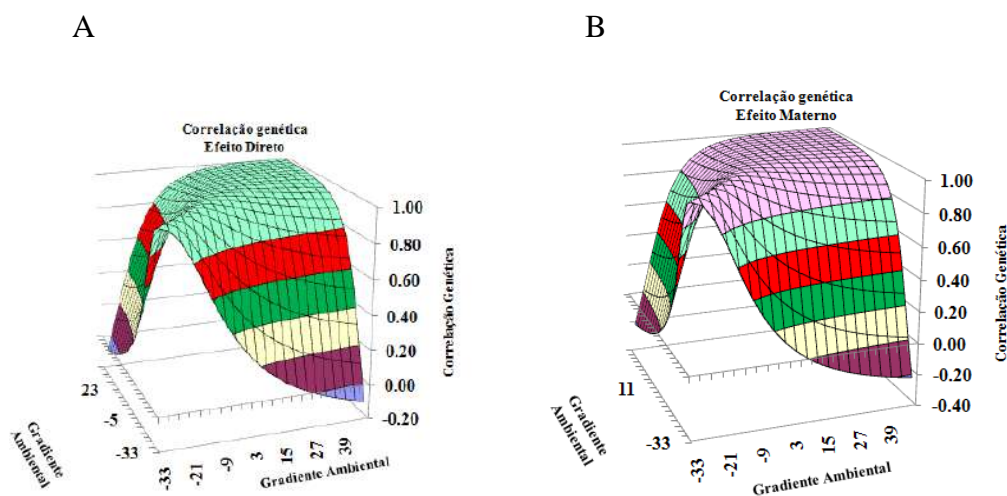
Os menores valores foram encontrados na comparação do  $MHNRHO_{1p}$  Baixo e  $MHNRHO_{1p}$  Alto, confirmando a presença da interação genótipos ambientes. Assim, os melhores reprodutores nos ambientes de baixo manejo não são, necessariamente, os mesmos nos ambientes de médio e alto manejo em razão das baixas correlações (-0,40 e 0,27). As maiores correlações (0,97 e 0,99) foram entre  $MHNRHO_{1p}$  Médio e  $MHNRHO_{1p}$  Alto, indicando ausência de IGA, quando se considera somente estes dois ambientes. Com isso, reprodutores selecionados com base em informações de progênies criadas em ambientes de médio manejo podem ser utilizados em ambientes de alto manejo. Comparando o MA com os  $MHNRHO_{1p}$ , as maiores correlações foram com  $MHNRHO_{1p}$  Médio, demonstrando que o modelo animal corrige para um ambiente médio de produção. Entretanto, as avaliações genéticas que não consideram o efeito da IGA podem ocasionar a utilização equivocada de reprodutores, especialmente no ambiente de baixo manejo. Até o ano de 2004 não existiam no Brasil avaliações genéticas para os bubalinos Mediterrâneo. A partir deste ano, com o lançamento do sumário de bubalinos, baseado na metodologia dos melhores preditores lineares não viciados (BLUP) via modelo animal, os valores genéticos foram preditos e a escolha dos reprodutores começou a ser feita com base neste critério. Como a avaliação genética usual não considera a IGA, os ganhos podem estar comprometidos, principalmente nos ambientes de produção de pior manejo.

Em outros trabalhos em bovinos (Cardoso et al., 2005a; Ambrosini et al., 2012) não foram observadas mudanças de classificação tão consideráveis, quando comparado aos níveis baixo, médio e alto do  $MHNRHO_{1p}$ . O fato deste trabalho utilizar animais de quatro regiões do Brasil pode ter contribuído para essa diferença. Já Corrêa et al. (2007) encontraram alta alteração na classificação dos reprodutores da raça Devon, considerando os MNR.

**Tabela 3.** Correlações de Spearman entre as classificações dos 50% dos reprodutores com maiores valores genéticos abaixo da diagonal e com 100% dos reprodutores acima da diagonal, obtidas pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação (MHNRHO<sub>1P</sub>) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	MA	MHNRHO <sub>1P</sub> (Baixo)	MHNRHO <sub>1P</sub> (Médio)	MHNRHO <sub>1P</sub> (Alto)
MA		0,47 (<,0001)	0,93 (<,0001)	0,91 (<,0001)
MHNRHO <sub>1P</sub> (Baixo)	-0,10 (<,0001)		0,34 (<,0001)	0,27 (<,0001)
MHNRHO <sub>1P</sub> (Médio)	0,79 (<,0001)	-0,32 (<,0001)		0,99 (<,0001)
MHNRHO <sub>1P</sub> (Alto)	0,73 (<,0001)	-0,40 (<,0001)	0,97 (<,0001)	

As correlações entre os valores genéticos, obtidas via MHNRHO<sub>1P</sub> nos diferentes ambientes, foram de -0,09 a 1,00 para o efeito direto (Figura 3A) e -0,22 a 1,00 para o efeito materno (Figura 3B). A correlação genética nos valores médios e altos do gradiente ambiental é alta e positiva (Figura 3), caindo rapidamente à medida que o ambiente torna-se desfavorável, apresentando valores negativos entre os extremos do gradiente ambiental. Dessa maneira, a seleção em ambiente médio e alto é equivalente. Em termos práticos, alguns animais são adaptados e produtivos em ambientes adversos, enquanto outros animais possuem desempenho superior nos melhores ambientes. Esses resultados estão de acordo com os resultados encontrados por Corrêa et al. (2009), para ganho pós-desmama de bovinos Devon; Cardoso et. al. (2005a), para o ganho pós-desmama em bovinos Aberdeen Angus; Kolmodin et al. (2002), para produção de proteína em bovinos de leite; e Mattar et al. (2011), para o peso ao sobreano em bovinos Canchim.



**Figura 3.** Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) no gradiente ambiental.

### Conclusões

Constatou-se IGA pelo modelo de melhor ajuste ( $MHNRHO_{1P}$ ). Isto ficou evidenciado pela alteração das herdabilidades, pelos valores de correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação e pela mudança na classificação dos animais. Além disso, houve mudança nos valores genéticos e o efeito foi maior para os valores direto. Os bubalinos apresentaram-se como animais plásticos e robustos, permitindo selecionar e aumentar o progresso genético em cada ambiente específico. Os animais recomendados como geneticamente superiores em ambientes de manejo médio e alto não são os mesmos recomendados para os ambientes de manejo baixo, necessitando do estabelecimento de programas de avaliação genética em bubalinos, que visem identificar os animais superiores em determinados ambientes.

### Referências

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI,J.; MALHADO, C.H.M.; FILHO,R.M.; CARDOSO, F.F. Interação genótipo x ambiente para 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. **Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação**. 2012. 79 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, 2012.

BASTIANETTO, E. Criação de búfalos no Brasil: situação e perspectiva. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, n.6, p.98-103, 2009. Suplemento.

BERNARDES, O. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.31, n.3, p.293-298, jul./set. 2007.

BROOKS, S.P.; ROBERTS, G.O. Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo. **Statistics and Computing**, v. 8, n.4, p. 319-335, Dec.1998.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELLINO, R.A. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia, **Anais...** Goiânia: Melhoramento Animal, 2005a. 1 CD-ROM.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M.; CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos bayesianos para estudo de interação genótipo ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós desmama de bovinos Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. 1 CD-ROM.

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.2130-2141, 2012.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos, SP. **Anais...** São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008. 1 CD-ROM.

CARDOSO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F.F.; COBUCCI, J.A.; BIASSUS, I.O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian 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, F.F. **Aplicação da inferência bayesiana no melhoramento animal usando o programa INTERGEN versão 1.2**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2010. 34 p. Documentos, 111.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005b.

CORRÊA, M. B. B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória**. 2007. 88 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2007.

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

CROMIE, A.R. **Genotype by environment interaction for milk production traits in Holstein Friesian dairy cattle in Ireland**. PhD Thesis. The Queens University of Belfast, Belfast, UK, 1999.

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

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, n.3, p.195-214, 2002.

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

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

GEORG, P.C.; PAIVA, E.; CONTI, A.C.M.; MARTINS, E.N.; GASPARINO, E.; SANTOS, A.L. Interação genótipo X ambiente em codornas de postura alimentadas com rações com dois níveis de energia metabolizável. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.9, p.1706-1711, 2009.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). **Bayesian statistic**. New York: Oxford University, 1992. 526 p.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v. 31, n.6, p. 1109-1144, 1983.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção da Pecuária Municipal**. 2011. v.38. Disponível em: <ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\_Pecuaria/Producao\_da\_Pecuaria\_Municipal/2011/ppm2011.pdf>. Acesso em: 9 set. 2014.

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.; STRAMBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, n.1, p.11-24, 2002.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SOUZA, J.C.; PICCININ, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.376-379, 2007.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; RAMOS, A.A. et al. Análise da distribuição de pesagens em diferentes idades de bubalinos da raça Mediterrâneo. **Revista Científica de Produção Animal**, v.6, n.2, 2004.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; FILHO, R.M.; SOUZA, J.C. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.2, p.215-220, 2008.

MARCONDES, C.R. Melhoramento de búfalos no Brasil: avanços, entraves e perspectivas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.325-333, 2011. Suplemento Especial.

MATTAR, M.C.; CARDOSO, F.F.; ALENCAR, M.M. Plasticidade fenotípica e heterogeneidade de variância para o peso ao sobreano de bovinos Canchim via norma de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA. 46., 2009, Maringá, PR, **Anais...** Maringá: Melhoramento Animal, 2009. 1 CD-ROM.

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

RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v.7, n.4, p.493-497, 1993.

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

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT**. SAS Institute Inc., 2002.

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

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

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

TONHATI, H. Aspectos do melhoramento genético de búfalos leiteiros no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., Maringá. **Palestras...** Maringá: SBMA, 2010. 10 p.

TONHATI, H.; CÉRON MUÑOZ, M.F.; OLIVEIRA, J.A. et al. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2051-2056, 2000. Suplemento,1.

## IV – CAPÍTULO II

### **Interação Genótipos Ambientes para o Peso aos 365 dias de idade em Bubalinos (*Bubalus bubalis*) da Raça Mediterrâneo via Normas de Reação**

#### **Resumo**

Nos últimos anos, vem ocorrendo um aumento do efetivo de bubalinos no Brasil. Contudo, as avaliações genéticas em bubalinos de corte ainda são poucas e estudos de interação genótipos ambientes praticamente não existem. Dessa forma, objetivou-se verificar a presença da interação genótipos ambientes (IGA) em bubalinos da raça Mediterrâneo, para o peso aos 365 dias de idade, por meio de modelos de normas de reação, via regressão aleatória. Foram testados o modelo animal padrão (MA) e os modelos de normas de reação, adotando duas metodologias: modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR<sub>2p</sub>) e modelo hierárquico norma de reação com um passo (MHNR<sub>1p</sub>). Baseado em três critérios de comparação (Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional, Critério de Informação da Deviance e Deviance Baseada nos Fatores de Bayes), o modelo hierárquico homoscedástico de norma de reação um passo (MHNRHO<sub>1p</sub>) apresentou o melhor ajuste. As estimativas de herdabilidade direta para esse modelo variaram de 0,19 a 0,78, com a melhoria do ambiente. Assim, à medida que melhora o ambiente, aumenta a proporção dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais da variação fenotípica. Além disso, houve mudança nos valores genéticos direto (efeito escala) de alguns reprodutores, demonstrando a IGA. As correlações de Spearman foram altas, tanto na comparação do MA com os MNR, como entre os níveis de baixa, média e alta qualidade do MHNRHO<sub>1p</sub>. Dessa maneira, constatou-se interação genótipo ambiente, contudo, sem mudança significativa no ranqueamento dos reprodutores.

**Palavras-chave:** gradiente ambiental, regressão aleatória, valor genético

## Abstract

In the last years, there has been an increase in the bubaline effective in Brazil. However, the genetic evaluations in bubaline for meat are few and studies on genotypes and environments interaction barely do not exist. Thus, the objective was to verify the presence of genotypes environments interaction (GEI) in the Mediterranean breed, for weight at 365 days of age, by means of reaction norms models via random regression. We tested the standard animal model (AM) and reaction norms models (RNM), adopting two methodologies: hierarchical model reaction norm with two steps (HRNM<sub>2s</sub>) and hierarchical model reaction norm with one step (HRNM<sub>1s</sub>). Based on three criteria of comparison (Deviance based on Conditional Predictive Ordinate, Deviance Information Criterion and Deviance Based on Bayes Factors) the homoscedastic hierarchical model of reaction norms one step ((HOHRNM<sub>1s</sub>) presented the best fit. The direct heritability estimates for this model ranged 0,19 to 0,78, with the increase of the environmental gradient. Thus, as it improves the environment, increases the proportion of genetic factors in relation to environmental factors of the phenotypic variation. In addition, there was a change in direct values (scale effect) of some breeding demonstrating the GEI. The Spearman correlations were high as in the AM compared with the RNM, as between the levels of low, medium and high management of HOHRNM<sub>1s</sub>. Thus, it was found environment Genotype interaction, however, no significant change in the ranks of breeding.

**Keywords:** environmental gradient, random regression, genetic value.

## Introdução

Os bubalinos são considerados animais de triplo propósito, por estarem adaptados à produção de leite, carne e trabalho (Bastianetto, 2009). Esses animais são encontrados em todos os estados brasileiros (Malhado et al., 2007) e cada estado apresenta uma grande diversidade edafoclimáticas e de sistemas de produção, além de uma grande diferença histórica, econômica e de recursos naturais que afetam a produção animal.

O Brasil foi pioneiro em avaliações genéticas em bubalinos quando, em 2001, foi publicado o primeiro sumário de búfalos (Ramos et al., 2001), sendo publicado em 2004 o segundo sumário (Ramos et al., 2004), ambos analisados estatisticamente, utilizando o método dos modelos mistos, considerando o modelo animal completo.

Acompanhando a expansão da bubalinocultura no Brasil, diversos estudos, principalmente em bubalinos leiteiros, foram publicados (Tonhati, 2010; Marcondes, 2011). Contudo, ainda existem poucas informações sobre estimativas de parâmetros genéticos em búfalos de corte, especialmente, considerando a interação genótipos ambientes.

Um das alternativas para o estudo da interação genótipos ambientes é a aplicação da norma de reação (NR), que é definida como o fenótipo expresso por um genótipo em função do ambiente. Esses modelos são úteis, quando os fenótipos mudam gradualmente e continuamente sob um gradiente ambiental (De Jong, 1995).

Nos modelos de normas de reações são atribuídos a cada animal avaliado dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e linear), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. A magnitude do componente de variância, atribuído ao coeficiente de regressão linear, é útil para avaliar a existência da IGA. Coeficientes de pequena magnitude indicam que as normas de reação dos animais avaliados são quase paralelas no gradiente ambiental, enquanto, coeficientes com maiores magnitudes indicam maior sensibilidade às alterações ambientais, podendo ocasionar alterações na classificação dos animais.

Dessa forma, objetivou-se verificar a presença da IGA em bubalinos da raça Mediterrâneo, no Brasil, para o peso aos 365 dias de idade (P365), por meio de modelos de normas de reação, via regressão aleatória.

## Material e Métodos

Foram utilizados registros de animais da raça Mediterrâneo, nascidos entre 1988 e 2009, de cinco fazendas distribuídas nas regiões Norte (1), Nordeste (1), Sul (2) e Sudeste (1) do Brasil, cedidos pelo Programa de Melhoramento de Bubalinos (PROMEBUL). O banco de dados inicial continha 5.280 registros de peso aos 365 dias de idade (P365). Foram excluídos 489 animais com registro de peso menor que 120 kg e maior que 550 kg e 88 animais com registros em grupos contemporâneos (GC) com três ou menos observações e com média de peso acima de +3 desvio padrão do GC. Além destes, eliminou-se 06 animais que apresentaram número de filhos menor que dois e 142 animais que estavam em arquipélagos secundários. Dessa forma, utilizou-se um arquivo final com 4.555 animais, os quais apresentaram média de  $300,11 \pm 57,04$  kg para a característica P365.

Inicialmente, foram realizadas análises de preparação, formatação e descrição dos dados, em linguagem SAS (SAS, 2002). Os GC foram formados com os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo ano, estação, rebanho e sexo. As estações de nascimento foram agrupadas em quatro classes (estação 1: setembro, outubro e novembro; estação 2: dezembro, janeiro e fevereiro; estação 3: março, abril e maio; estação 4: junho, julho e agosto).

A conexão dos GC, baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, foram incluídos somente GC conectados. A conectabilidade dos GC resultou em dois arquipélagos: o primeiro com 139 GC e 4.555 animais; o segundo com 31 GC e 142 animais. Para as análises, foi utilizado somente o arquipélago principal.

A primeira análise realizada com programa INTERGEN (Cardoso, 2010) foi com o modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos. Posteriormente, realizaram-se as análises para os modelos de normas de reação.

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, 2008).



O modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental, o qual, posteriormente, foi usado como covariável nos modelos de normas de reação, foi:

$$\text{MA: } y_{ij} = x' + X_j + a_i + e_{ij} \quad (1)$$

Em que;  $y_{ij}$  é o registro do animal  $i$  no ambiente  $j$ ;  $x'$  corresponde ao vetor de incidência;  $X_j$ , efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo);  $a_i$ , valor genético aditivo do animal  $i$  e,  $e_{ij}$ , erro residual;

Usaram-se os modelos hierárquicos de normas de reação adotando duas metodologias: modelo hierárquico norma de reação com dois passos – MHNR<sub>2p</sub> e modelo hierárquico norma de reação com um passo – MHNR<sub>1p</sub>.

A primeira metodologia proposta por Kolmodin et al. (2002) utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, chamado modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR<sub>2p</sub>), cujas equações são demonstradas a seguir:

$$\text{MHNR}_{2p}: y_{ij} = x' + \Phi X_j + a_i + b_i \hat{X}_j + e_{ij} \quad (2)$$

Em que;  $\Phi$  =coeficiente de regressão fixo;  $a_i$ = valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal  $i$ ;  $b_i$  =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação no animal  $i$  no ambiente representado por  $\hat{X}_j$ ;  $\hat{X}_j$  = preditor de  $X_j$  obtido no (1) e  $e_{ij}$  = erro residual.

A segunda metodologia foi proposta por Su et al. (2006), chamada de modelo hierárquico de norma de reação um passo – MHNR<sub>1p</sub>, no qual as estimativas dos efeitos ambientais foram obtidas junto com a norma de reação dos animais, em que  $X_j$  e  $b_i$  são conjuntamente estimados como no modelo abaixo:

$$\text{MHNR}_{1p}: Y_{ij} = x' + X_j + a_i + b_i X_j + e_{ij} \quad (3)$$

Duas diferentes pressuposições foram adotadas para a variância residual: uma com homoscedasticidade e outra com heteroscedasticidade. Os cinco modelos testados no trabalho são: modelo animal (MA), modelo hierárquico homoscedástico de norma de reação um passo (MHNRHO<sub>1p</sub>) e dois passos (MHNRHO<sub>2p</sub>), modelo hierárquico

heteroscedástico de norma de reação um passo (MHNRRHE<sub>1P</sub>) e dois passos (MHNRRHE<sub>2P</sub>).

As variâncias genéticas, aditiva direta no ambiente X,  $\sigma_A^2 | X$ , foi obtida por:

$$\sigma_A^2 | X = \text{var} (a_i + b_i X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b} x$$

As herdabilidades foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h_a^2 | X = \frac{\sigma_a^2 | X}{\sigma_a^2 | X + \sigma_e^2 | X}$$

Em que:  $\sigma_e^2 | X$  = variância residual no ambiente X, obtido por  $\sigma_e^2 | X = \sigma_e^2 \hat{n}^x$ , no modelo heteroscedástico simplificado e  $\sigma_e^2$  no modelo homoscedástico, no qual  $n$  = variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por Cardoso et al.(2005b).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de Geweke (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por  $l_i^{(j)} = \log p(y | \theta^{(j)}, M_i)$ , das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por Brooks & Roberts (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{(\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B)}{\sqrt{\frac{1}{n_A} \hat{S}_i^A(O) + \frac{1}{n_B} \hat{S}_i^B(O)}}$$

Em que  $\bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$ ,  $\bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}$ ,  $n_A=120.000$ ,  $n_B=6000.000$ ,  $n^*=600.001$  e

com  $\hat{S}_i^A(O)$  e  $\hat{S}_i^B(O)$ , sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero, obtida pelo procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC.,2002), para os primeiros  $n_A$  e últimos  $n_B$  ciclos da cadeia MCMC de comprimento  $m$ . Valores absolutos extremos do escore  $Z_i$ , para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

O ajuste dos diferentes modelos (MA, MHNRRHO<sub>2P</sub>, MHNRRHO<sub>1P</sub>, MHNRRHE<sub>2P</sub> e MHNRRHE<sub>1P</sub>) aos dados foram avaliados através de três critérios: Critério de

Informação da Deviance (DIC), Deviance baseada nos Fatores de Bayes (BF) e Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional – (CPO).

### Resultados e Discussão

Optou-se por apresentar apenas os resultados para os modelos animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRHO<sub>1P</sub>) e modelo hierárquico normas de reação homoscedástico dois passos (MHNRHO<sub>2P</sub>), uma vez que os dois modelos hierárquicos normas de reação heteroscedástico com pressuposição de heterogeneidade de variância residual (MHNRHE<sub>1P</sub> e MHNRHE<sub>2P</sub>) não convergiram.

O MA e MHNRHO<sub>2P</sub> convergiram a 5% ( $p > 0,05$ ) para todos os parâmetros, enquanto, para o MHNRHO<sub>1P</sub>, os parâmetros convergiram a 1% ( $p > 0,01$ ), pelo teste de Geweke (Z) (Tabela 4).

**Tabela 4** – Teste de convergência de Geweke (Z) para os componentes dos modelos

Parâmetros	Teste de Geweke	Modelos		
		Animal	NHNRHO <sub>1P</sub>	MHNRHO <sub>2P</sub>
VC1	Z	-0,33	0,98	-1,94
	P-valor	0,74	0,33	0,06
VC2	Z	1,33	0,04	0,17
	P-valor	0,18	0,96	0,86
VC3	Z	0,34	1,73	0,37
	P-valor	0,74	0,08	0,70
VC4	Z		2,44	0,46
	P-valor		0,02	0,64
VC5	Z		-0,70	-0,08
	P-valor		0,48	0,93

VC1 – Variância do efeito animal (MA); VC2 – Variância do grupo de contemporâneo (MA e MHNRs); VC3 – Correlação entre nível e inclinação da norma de reação (MHNRs); VC4 – Variância da inclinação da norma de reação (MHNRs); VC5 – Variância do erro residual (MA e MHNRs).

O MHNRHO<sub>1P</sub> apresentou melhor ajuste, considerando os três critérios de comparação de modelos (DIC, BF e CPO) (Tabela 5). Resultado semelhante foram relatados por Cardoso et al.(2007); Corrêa et al.(2007); Cardoso et al.(2011); Mattar et al. (2011) e Ambrosini et al.(2014), que avaliaram o ganho de peso padronizado pós-desmama, para as raças Angus, Devon, hereford, Canchim e Nelore, respectivamente. Esse modelo apresenta um processo de estimação conjunta e simultânea dos parâmetros

genéticos e valores genéticos. Isso diminui o viés causado no procedimento de dois passos por usar informação prévia do MA.

**Tabela 5** – Critério da deviance baseada nos fatores de Bayes (FB), critério de informação da deviance (DIC) e a deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO).

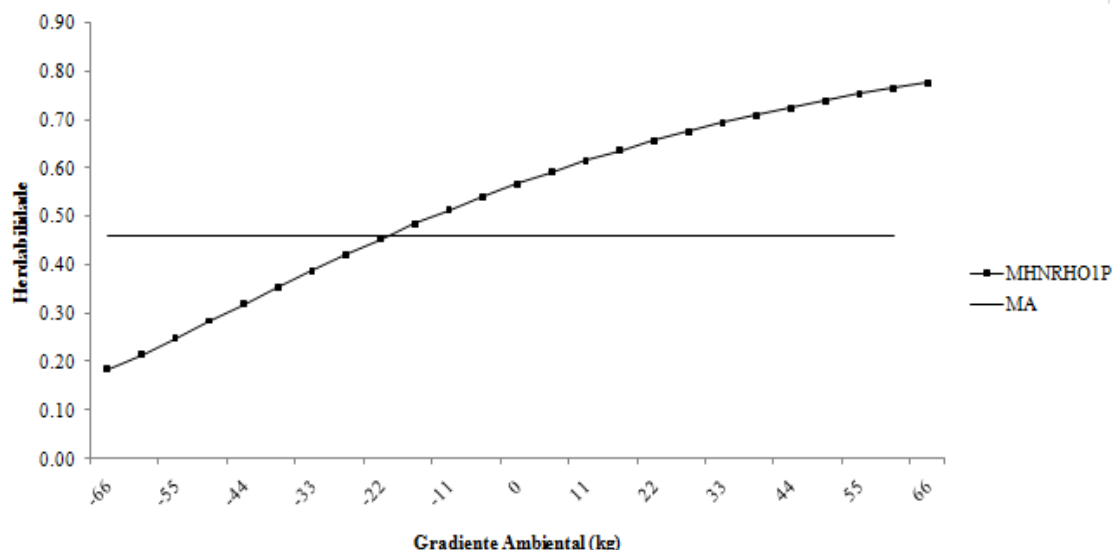
Modelos	DIC	CPO	FB
Modelo Animal	56703,13 <sup>(3)</sup>	48120,35 <sup>(3)</sup>	45864,48 <sup>(3)</sup>
MHNRHO <sub>1P</sub>	56136,34 <sup>(1)</sup>	48021,66 <sup>(1)</sup>	45494,03 <sup>(1)</sup>
MHNRHO <sub>2P</sub>	56436,16 <sup>(2)</sup>	48054,03 <sup>(2)</sup>	45808,16 <sup>(2)</sup>

1, 2 e 3: indicam a classificação do melhor ajuste

A estimativa de herdabilidade direta para o modelo animal foi de 0,46. Malhado et al.(2008), usando a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), encontraram valores próximos (0,41±0,06) de herdabilidade direta nesta raça para o peso aos 365 dias de idade.

As soluções do gradiente ambiental padronizadas variaram de -66 a 66 kg, demonstrando níveis ambientais de baixa à alta qualidade. As estimativas de herdabilidade direta do MHNRHO<sub>1P</sub> aumentaram (0,19 a 0,78) com a melhora do gradiente ambiental (Figura 4). O aumento na proporção dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais da variação fenotípica, à medida que melhora o ambiente e, conseqüentemente, as mudanças dos parâmetros genéticos, conforme o ambiente em que os animais são criados, também foram relatados nos estudos com bovinos de Cardoso et al. (2005a), Kolmodin et al. (2002), Su et al. (2006), Cardoso et al. (2007) e Cardoso & Tempelman (2012). Esses resultados são indícios da IGA, que precisam ser comprovados pelas mudanças de classificação, caracterizando interações complexas, ou por mudanças de respostas dos genótipos ao longo do gradiente ambiental, caracterizando IGA com efeito escala. De toda forma, já evidencia que a seleção em ambientes melhores permite melhor discriminação da variância genética aditiva.

Utilizando o MHNRHO, Corrêa et al. (2009) e Cardoso et al. (2011) estimaram herdabilidades diretas com valores próximos ao nosso estudo (0,29 a 0,70 e 0,07 a 0,64) para ganho pós-desmama de bovinos Devon e Hereford, , respectivamente.



**Figura 4** – Herdabilidades diretas da característica P365 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

As herdabilidades no MHNRRHO<sub>1P</sub> foram crescentes no gradiente ambiental e com valores mais elevados nos ambientes médios e altos do que as encontradas pelo MA (Tabela 6).

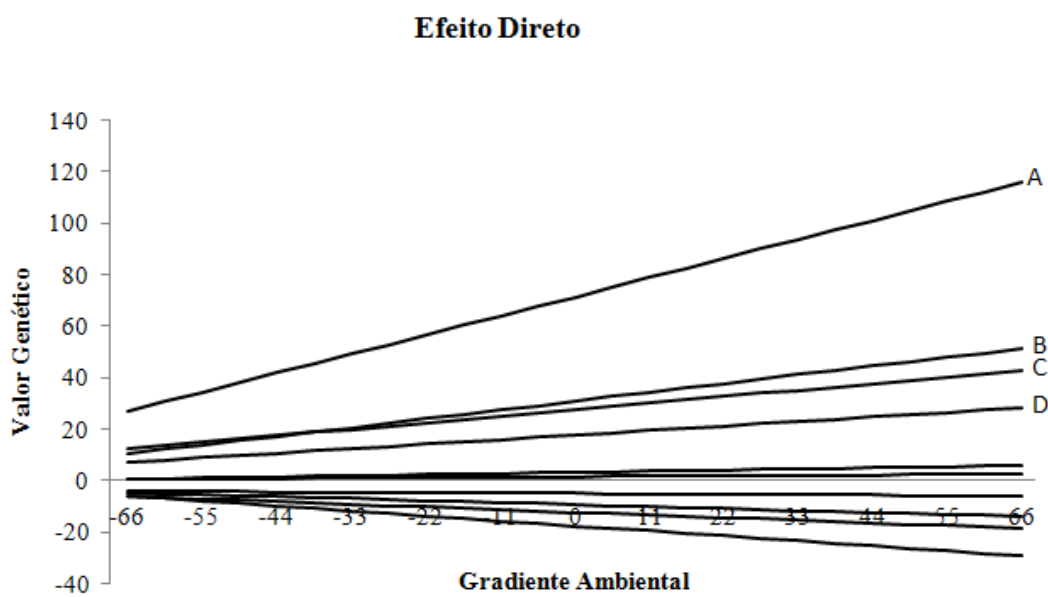
**Tabela 6** – Média e Desvio Padrão da variância ambiental (VE), variância aditiva (VA) e herdabilidade ( $h^2$ ) em diferentes níveis de ambiente (X) considerando variância residual homogênea.

Modelo	X(Kg)	VE	VA	$h^2$
MA	-	1147,0±70,98	975,3±104,73	0,46±0,04
MHNRRHO <sub>1P</sub>	-66	1037,7±67,6	236,71±74,45	0,19±0,05
MHNRRHO <sub>1P</sub>	0	1037,7±67,6	1361,52±148,30	0,57±0,04
MHNRRHO <sub>1P</sub>	+66	1037,7±67,6	3596,36±472,47	0,78±0,03

A média a *posteriori*, obtida após o ajuste dos dados no MHNRRHO<sub>1P</sub>, da correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação, foi alta para o efeito direto (0,97±0,02). Houve resposta à melhoria do ambiente para os animais com maiores valores genéticos direto para P365 (Figura 5). Ou seja, à medida que o ambiente torna-se favorável, há aumento na diferença entre os valores genéticos dos animais, uma vez que esses indivíduos expressam melhor seu potencial. Outros estudos de normas de reação para o crescimento e características de produção em bovinos, como

os de Cromie (1999), Kolmodin et al. (2002), Fikse et al. (2003) e Corrêa et al. (2009), confirmam essa afirmativa.

Mudança nos valores genéticos direto (efeito escala) de alguns reprodutores, conforme o ambiente mostra a presença de interação genótipos ambientes para os animais mais utilizados (Figura 5). Mattar et al. (2009), Cardoso et al. (2005a) também relataram mudanças na ordem de classificação dos indivíduos em características de crescimento em bovinos Canchim e Angus, respectivamente. As inclinações das normas de reação (efeito direto) variaram de  $-1,11$  a  $1,01$  graus, sendo que, 59,1% dos animais (3475) são classificados como genótipos robustos e intermediários (inclinações entre  $-0,20$  e  $0,20$  graus) e 40,9% dos animais (2405) são genótipos plásticos ( $-1,11$  a  $-0,20$  e  $1,01$  a  $0,20$ ). Porém, apesar da maioria dos animais serem robustos, ao analisar os animais com maior número de filhos (Animais B e C), observa-se IGA com efeito escala (Figura 5).



**Figura 5** – Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores nos diferentes ambientes (baixo, médio e alto), pelos modelos MA e MHNRRHO1p, variaram de 0,89 a 1,00, quando 50% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos (abaixo da diagonal). Quando se considerou todos os reprodutores (acima da diagonal) foram de 0,91 a 0,99 (Tabela 7). Todas as correlações foram altas, tanto na comparação

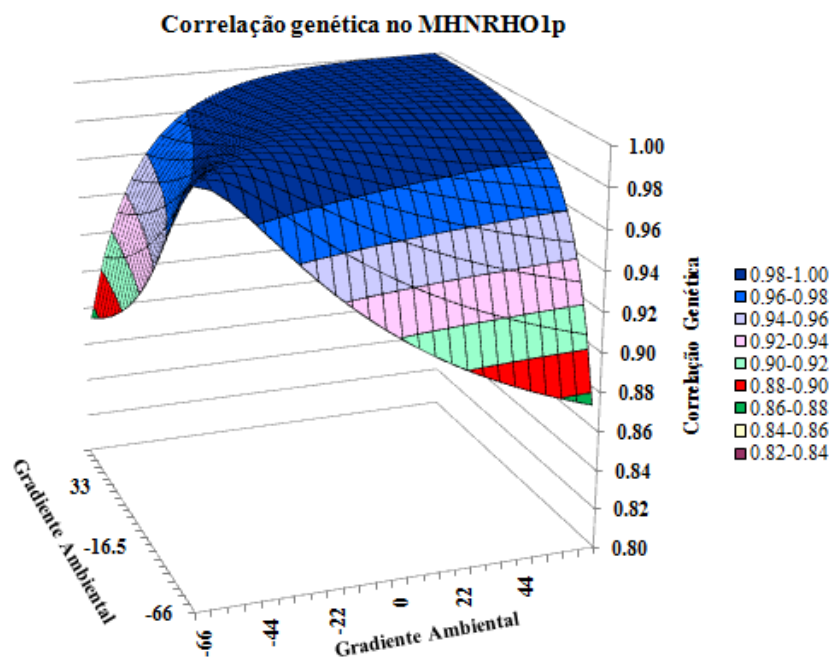
do MA com os MNR, como entre os níveis de baixa, média e alta qualidade no  $MHNRHO_{1P}$ . Isto evidencia poucas mudanças na classificação dos animais nos diferentes ambientes. Assim, não houve mudança na classificação dos reprodutores, mesmo com mudanças das variâncias genéticas aditivas ao longo do gradiente ambiental e na resposta diferenciada de alguns genótipos, pela correlação entre o intercepto e norma de reação, corroborando os resultados de Cardoso et al. (2005a) e Ambrosini et al. (2012), os quais também não encontraram consideráveis mudanças na classificação, quando comparado os níveis baixo, médio e alto do  $MHNRHO_{1P}$ . Por outro lado, Corrêa et al. (2007) encontraram alta alteração na classificação dos reprodutores da raça Devon, considerando os MNR.

**Tabela 7** – Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos (50% abaixo da diagonal e 100% acima da diagonal), obtidas pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação ( $MHNRHO_{1P}$ ) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	MA	$MHNRHO_{1P}$ (Baixo)	$MHNRHO_{1P}$ (Médio)	$MHNRHO_{1P}$ (Alto)
MA		0,91(<,0001)	0,93(<,0001)	0,93(<,0001)
$MHNRHO_{1P}$ (Baixo)	0,91(<,0001)		0,99(<,0001)	0,99(<,0001)
$MHNRHO_{1P}$ (Médio)	0,90(<,0001)	0,99(<,0001)		0,99(<,0001)
$MHNRHO_{1P}$ (Alto)	0,89(<,0001)	0,98(<,0001)	1,00(<,0001)	

As correlações entre os valores genéticos nos diferentes gradientes ambientais no  $MHNRHO_{1P}$  foram de 0,87 a 1,00 para o efeito direto (Figura 6). A correlação genética é alta e positiva entre os valores médios e altos do gradiente ambiental, caindo à medida que um dos ambientes torna-se desfavorável. Esses resultados diferem dos resultados encontrados por Corrêa et al. (2009), que observaram correlações genéticas negativas entre os níveis do gradiente ambiental para o ganho pós-desmama padronizado aos 365 dias de bovinos Devon. Já Mattar et al, (2011), para o peso ao sobreano em bovinos Canchim, observaram valores entre 0,24 e 1,00, cujas correlações diminuíram somente em ambientes extremamente desfavoráveis.

As correlações encontradas para os bubalinos são maiores que as encontradas em bovinos (Corrêa et al., 2009; Mattar et al., 2011), demonstrando ser menor a IGA para P365 nesta espécie.



**Figura 6** – Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto e o gradiente ambiental.

### Conclusões

O modelo de melhor ajuste foi MHNHRHO<sub>1P</sub> com aumento das herdabilidades ao longo do gradiente ambiental. Houve efeito IGA (efeito escala) para os reprodutores com maior número de filhos. Porém, considerando todos os animais, não houve consideráveis alterações na classificação dos animais, quando comparado o MHNHRHO<sub>1P</sub> com o modelo animal, nem entre os diferentes gradientes ambientais. A maioria dos bubalinos é classificada como animais de genótipos robustos, apresentando menor sensibilidade às mudanças ambientais.

### Referências

AMBROSINI DP, MALHADO CHM, NETO JB, FILHO RM, AFFONSO PRAM, CARNEIRO PLS. Reaction norms of direct and maternal effects for weight at 205 days in polled nellore cattle in North-eastern Brazil. **Archiv Tierzucht**.v.57,p;1-11, 2014.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI,J.; MALHADO, C.H.M.; FILHO,R.M.; CARDOSO, F.F. Interação genótipo × ambiente para peso ao ano em



bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

BASTIANETTO, E. Criação de búfalos no Brasil: situação e perspectiva. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, n.6, p.98-103, 2009. Suplemento.

BORGHESE, A. **Buffalo production and research**. Roma: FAO, 2005. 321 p.

BROOKS, S.P.; ROBERTS, G.O. Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo. **Statistics and Computing**, v. 8, n.4, p. 319-335, 1998.

CARDOSO, F.F.; CAMPOS, L.T.; CARDELLINO, R.A. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA 42., 2005, Goiânia, **Anais...** Goiânia: Melhoramento Animal, 2005a. 1 CD-ROM.

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.2130-2141, 2012.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008, São Carlos, SP. **Anais...** São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008. 1 CD-ROM.

CARDOSO, L.L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F.F.; COBUCCI, J.A.; BIASUS, I.O.; BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian 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, F.F. **Aplicação da inferência bayesiana no melhoramento animal usando o programa INTERGEN versão 1.2..** Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2010. 34 p. Documentos, 111.

CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p. 1766-1779, 2005b.

CORRÊA, M.B.B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória**. 2007. 88 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2007.

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

COSTER, A. **Pedigree**: pedigree functions R package version 1.3.2. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=pedigree>>. Acesso em: 9 set. 2011.

CROMIE, A.R. **Genotype by environment interaction for milk production traits in Holstein Friesian dairy cattle in Ireland**. PhD Thesis. The Queens University of Belfast, Belfast, UK, 1999.

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

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

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). **Bayesian statistic**. New York: Oxford University, 1992. 526 p.

GILMOUR, A.R.; GOGEL, B.J.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. **ASRemlUser Guide Release 3.0**. Hemel Hempstead: VSN International Ltd, 2009.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN, P.; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, n.1, p.11-24, 2002.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SOUZA, J.C.; PICCININ, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.2, p.376-379, 2007.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; FILHO, R.M.; SOUZA, J.C. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.2, p.215-220, fev. 2008.

MARCONDES, C.R. Melhoramento de búfalos no Brasil: avanços, entraves e perspectivas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.325-333, 2011. Suplemento Especial.

MATTAR, M.; SILVA, L.O.C.; ALENCAR, M.M.; CARDOSO, F.F. Genotype x 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.

RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v.7, n.4, p.493-497, 1993.

RAMOS, A.A.; VAN ONSELEN, V.J.; GONÇALVES, H.C. **PROMEBUL**: sumário de touros bubalinos. Botucatu: UNESP/FMVZ, 2001. Boletim Técnico, 1. 20p. Disponível em:

[http://www.fmvz.unesp.br/bufalos/HPBufalos\\_files/promebul/SUMARIO\\_2002.pdf](http://www.fmvz.unesp.br/bufalos/HPBufalos_files/promebul/SUMARIO_2002.pdf).  
Acesso: 9 set. 2014.

RAMOS, A.A.; WECHSLER, F.S.; VAN ONSELEN, V.J. et al. PROMEBUL: sumário de touros bubalinos. Botucatu: UNESP/ FMVZ, 2004. 39p. Boletim Técnico, 2.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT.SAS Institute Inc., 2002.

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

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

TONHATI, H. Aspectos do melhoramento genético de búfalos leiteiros no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., Maringá. **Palestras...** Maringá: SBMA, 2010. 10 p.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M.F.C.; OLIVEIRA, J.A.; DUARTE, J.M.C.; FURTADO, T. P.; TSEIMAZIDES, S.P. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2051-2056, 2000. Suplemento, 1.

## V CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para as duas características, o modelo de melhor ajuste foi  $MHNRHO_{1P}$ . As herdabilidades modificaram-se ao longo do gradiente ambiental. Para o P205, constatou-se IGA pela mudança nos valores genéticos e P365 apresentou IGA (efeito escala) para os reprodutores com maior número de filhos. Considerando o P205, os animais recomendados como geneticamente superiores em ambientes médio e alto não são os mesmos recomendados para os ambientes de baixa qualidade, necessitando do estabelecimento de programas de avaliação genética em bubalinos que visem identificar os animais superiores em determinados ambientes.