

## Normas de reação para peso aos 365 e 550 dias de idade em bovinos Guzerá no Nordeste do Brasil

Santos, J.C.<sup>1</sup>; Malhado, C.H.M.<sup>2</sup>; Ambrosini, D.P.<sup>2</sup>; Martins Filho, R.<sup>3</sup>; Araujo, A.C.<sup>2</sup> e Carneiro, P.L.S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Jequié. Bahia.. Brazil.

<sup>2</sup>Universidade Federal do Cariri. Campus de Juazeiro do Norte. Ceará. Brazil.

### PALAVRAS CHAVE ADICIONAIS

Gradiente Ambiental.  
Herdabilidade.  
Interação Genótipo Ambiente.  
Melhoramento Animal.  
Modelos Hierárquicos Bayesianos.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Environmental Gradient.  
Heritability.  
Interaction Genotype Environment.  
Animal Breeding.  
Bayesian Hierarchical Models.

### INFORMATION

Cronología del artículo.  
Recibido/Received: 13.08.2018  
Aceptado/Accepted: 03.09.2019  
On-line: 15.10.2019  
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:  
[andrefuturo7@hotmail.com](mailto:andrefuturo7@hotmail.com)

### RESUMO

Objetivouse avaliar o efeito da interação genótipo ambiente (IGA) sobre os pesos ajustados aos 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade de bovinos Guzerá por meio de modelos hierárquicos Bayesianos de norma de reação. O banco de dados utilizado foi cedido pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e continha 15169 e 11183 registros para o P365 e P550, respectivamente. Ajustou-se um modelo animal (MA) e modelos hierárquicos de norma de reação com variâncias homogêneas e heterogêneas em um passo (MHNHRHO1P e MHNHRHE1P, respectivamente) e dois passos (MHNHRHO2P e MHNHRHE2P, respectivamente) para avaliar a existência e efeito da IGA. O MHNHRHO1P foi o modelo de melhor ajuste. As estimativas de herdabilidade no MA foram de 0,37 e 0,29 para o P365 e P550, respectivamente. Foram obtidos valores de herdabilidade variando de 0,21 a 0,71 para o P365 e 0,06 a 0,93 para o P550 no MHNHRHO1P ao longo do gradiente ambiental. As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores para o P365 e P550 variaram de 0,26 a 0,99 e de -0,99 a 0,99, respectivamente, e as correlações genéticas variaram entre 0,70 a 1,00 e 0,40 a 1,00 para o P365 e P550, respectivamente. Existe IGA em bovinos da raça Guzerá no Nordeste do Brasil para o P365 e P550, sendo necessário considerar a possibilidade de inclusão deste efeito nas avaliações genéticas.

### Reaction norms for weight at 365 and 550 days of age in Guzerat cattle in northeastern Brazil

### SUMMARY

The aim was to evaluate the effect of genotype environment interaction (IGA) on the weights adjusted to 365 (P365) and 550 (P550) days of age of Guzerat cattle by Bayesian hierarchical models of reaction norm. The database used was provided by the Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) and contained 15169 and 11183 records for P365 and P550, respectively. An animal model (MA) and hierarchical models of reaction norm with homogenous and heterogeneous variances in one step (MHNHRHO1P and MHNHRHE1P, respectively) and two steps (MHNHRHO2P and MHNHRHE2P, respectively) were fitted to assess the existence and effect of IGA. The MHNHRHO1P was the best fit model. Estimates of heritability in MA were 0,37 and 0,29 for P365 and P550, respectively. Heritability ranged from 0,21 to 0,71 for P365 and 0,06 to 0,93 for P550 on MHNHRHO1P along the environmental gradient. Spearman correlations between the sires for P365 and P550 ranged from 0,26 to 0,99 and from -0,99 to 0,99, respectively, and genetic correlations ranged from 0,70 to 1,00 and 0,40 to 1,00 for P365 and P550, respectively. There is IGA in Guzerá cattle in Northeast Brazil for P365 and P550, and it is necessary to consider the possibility of including this effect in genetic evaluations.

### INTRODUÇÃO

O gado Guzerá é uma raça zebuína de dupla aptidão bem adaptada as condições tropicais, como o Nordeste brasileiro, onde a sua criação pode ser muito vantajosa. Foram observados ganhos fenotípicos satisfatórios para o peso em várias idades de bovinos desta raça criados na região Nordeste do Brasil, po-

rém, os ganhos genéticos foram abaixo de 1% por ano, demonstrando que os ganhos fenotípicos estão mais relacionados com melhorias no ambiente ao invés do melhoramento genético (Santos et al., 2012).

As melhorias proporcionadas pelo ambiente na expressão das características são limitadas ao potencial genético dos animais, podendo estagnar a produção quando chegam ao seu limite. Assim, é necessário es-

tabelecer estratégias para auxiliar os produtores na avaliação genética e seleção de touros adequados para utilização em programas de melhoramento da raça Guzerá, consequentemente, aumentar o progresso genético nos rebanhos.

As avaliações genéticas realizadas normalmente são feitas utilizando o modelo animal (MA) e desconsideram a presença da interação genótipo ambiente (IGA). No MA é feita a pressuposição de que vários ambientes diferentes têm o mesmo efeito na análise, no entanto, esta abordagem não é adequada, quando na realidade existem diversos ambientes de produção específicos (Ambrosini et al., 2016a). A variedade de condições geográficas, climáticas e de manejo interferem no fenótipo dos animais e podem prejudicar as estimativas dos parâmetros genéticos, tornando-se importante considerar a IGA na avaliação de touros, principalmente, quando a progênie destes reprodutores for criada em ambientes diferentes daqueles onde os pais foram selecionados.

A IGA é caracterizada pela alteração na resposta dos genótipos em função de mudanças no ambiente de produção (Falconer & Mackay, 1996) e pode ser avaliada pelas normas de reação (NR), que descrevem as mudanças no fenótipos em função de um gradiente ambiental (Mota et al., 2015). São utilizados dois coeficientes de regressão aleatórios nos modelos de NR (MNR), que correspondem ao nível ou intercepto (valor genético aditivo) e a inclinação (sensibilidade do genótipo as mudanças no ambiente) da NR do animal, apresentando grande utilidade para predição de valores genéticos de indivíduos em função do gradiente ambiental.

Os MNR já foram utilizados para avaliar a IGA em bovinos (Ambrosini et al., 2016a, 2016b; Souza et al., 2016; Mota et al., 2016; Hay & Roberts, 2018) e bubalinos (Rodrigues et al., 2015), mostrando-se adequados nestes estudos quando combinados com modelos hierárquicos Bayesianos (MHB). Entretanto, não foram encontradas pesquisas relacionadas a IGA em bovinos da raça Guzerá, sendo escassas informações a respeito da existência destes efeitos em bovinos desta raça.

As mudanças no gradiente ambiental podem causar alterações no ranking dos reprodutores e/ou na variância da característica, causando prejuízos no melhoramento dos rebanhos, uma vez que os critérios de seleção poderão estar equivocados. Dessa forma, objetivou-se avaliar o efeito da IGA sobre os pesos ajustados aos 365 e 550 dias de idade de bovinos Guzerá por meio de modelos hierárquicos Bayesianos de norma de reação.

## MATERIAL E MÉTODOS

O banco de dados utilizado continha os pesos padronizados aos 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade de animais da raça Guzerá registrados entre os anos de 1975 e 2011 na região Nordeste do Brasil. Estes dados foram cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ).

Inicialmente, o banco de dados continha 15169 e 11183 registros para o P365 e P550, respectivamente.

Em seguida, estes conjuntos de dados foram editados utilizando o software SAS® versão 9.0 (SAS Institute, Cary, NC, EUA, 2002), sendo removidos reprodutores com menos de 5 filhos, vacas com menos de duas crias e animais com pesos fora do intervalo de  $\pm 3$  desvios padrão, permanecendo 7550 e 4811 animais para o P365 e P550, respectivamente. A conexão dos grupos de contemporâneos (GC) foi avaliada usando o programa AMC (Roso & Schenkel, 2006), que permitiu a preparação do arquivo de pedigree e de dados, incluindo apenas GC conectados (mínimo de 10 laços genéticos).

Na formação dos GC foram agrupados os animais que tiveram um ambiente de produção equivalente (mesmo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar e sexo). As épocas de nascimento foram distribuídas em 4 classes para as duas características, sendo a época 1 corresponde a: maio, junho e julho; época 2: agosto, setembro e outubro; época 3: novembro, dezembro e janeiro; e época 4: fevereiro, março e abril.

Foi ajustado um modelo animal padrão (MA) utilizando o programa INTERGEN (CARDOSO, 2010) para obter as estimativas dos efeitos médios de ambiente com base na solução dos GC. O MA ignora a IGA e também foi comparado aos modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) ajustados nesta pesquisa, possuindo a seguinte estrutura para as características P365 e P550:

$$y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + e_{ij};$$

em que:  $y_{ij}$  = registro do animal  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\beta$  = vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca);  $x_i$  = vetor de incidência;  $X_j$  = efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo);  $a_i$  = valor genético aditivo do animal  $i$ ;  $e_{ij}$  = erro aleatório.

Foram utilizados MHB para obter as NR, devido a possibilidade de modelar conjuntos de dados com complexas estruturas de dependência, tornando-se apropriados para o estudo da IGA. O valor genético dos animais nos MNR foram obtidos em função do nível ambiental médio, correspondente à solução do GC ao qual o registro pertence. Neste estudo os animais foram agrupados em três classes de acordo com as médias padronizadas dos GC: -1 desvio padrão, zero e +1 desvio padrão.

Utilizou-se o programa INTERGEN (CARDOSO, 2010) para ajustar os modelos hierárquicos de norma de reação em dois passos (MHNR<sub>2p</sub>) e em um passo (MHNR<sub>1p</sub>) para avaliar a IGA neste trabalho. O MHNR<sub>2p</sub>, proposto por Kolmodin et al. (2002), utiliza as estimativas dos efeitos médios ambientais, obtidas no MA, como covariáveis conhecidas em um modelo de regressão aleatória. Para as características P365 e P550, o MHNR<sub>2p</sub> apresentou a seguinte estrutura:

$$y_{ii} = x_i'\beta + \phi\bar{X}_i + a_i + b_i\bar{X}_i + e_{ii};$$

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 direta;  $\bar{X}_i$  = preditor de  $X_j$  obtido no MA; e  $e_{ii}$  = erro aleatório.

O MHN<sub>R</sub><sub>1p</sub> foi proposto por Su et al. (2006) e estima os valores ambientais simultaneamente com os outros parâmetros do modelo, dispensando a necessidade de estimação destes efeitos em etapas anteriores. O MHN<sub>R</sub><sub>1p</sub> para as características P365 e P550 apresentou a seguinte estrutura:

$$y_{ii} = x_i' \beta + X_i + a_i + b_i X_i + e_{ii}.$$

A interpretação dos efeitos no MHN<sub>R</sub><sub>1p</sub> pode ser feita de modo análogo ao MHN<sub>R</sub><sub>2p</sub>, fazendo a observação de que é estimado junto com os outros efeitos do modelo.

Foram utilizadas duas pressuposições para a variância residual dos modelos: homocedasticidade para o MA e MHN<sub>R</sub><sub>2p</sub> e MHN<sub>R</sub><sub>1p</sub>, sendo que estes dois últimos passaram a ser chamados de MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub><sub>2p</sub> e MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub><sub>1p</sub>, respectivamente; e heterocedasticidade para MHN<sub>R</sub><sub>1</sub> e MHN<sub>R</sub><sub>2</sub>, que passaram a ser chamados de MHN<sub>R</sub>H<sub>E</sub><sub>2p</sub> e MHN<sub>R</sub>H<sub>E</sub><sub>1p</sub>. Assim, foram avaliados cinco modelos para estudar a IGA: MA, MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub><sub>2p</sub>, MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub><sub>1p</sub>, MHN<sub>R</sub>H<sub>E</sub><sub>2p</sub> e MHN<sub>R</sub>H<sub>E</sub><sub>1p</sub>.

Em ambas as características, a variância genética aditiva direta no ambiente X ( $\sigma_A^2|X$ ) e a herdabilidade direta no ambiente X ( $h_a^2|X$ ) foram obtidas por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}(a_i + b_i X_i) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 X^2 + 2\sigma_{ab} X \quad h_a^2|X = \frac{\sigma_a^2 X}{\sigma_a^2 X + \sigma_b^2 X^2},$$

em que:  $\sigma_a^2|X$  variância residual no ambiente X, obtido por  $\sigma_a^2$  no modelo homoscedástico e  $\sigma_a^2 \hat{\eta}^X$  no modelo heteroscedástico simplificado, sendo  $\eta$  = variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (X), de acordo com Cardoso et al. (2005b).

Os componentes de variância foram estimados utilizando inferência Bayesiana, por meio do método Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Inicialmente, rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.000 de descarte (*burn-in*) e cinco para o intervalo de salvamento (*thinning*). Em seguida, utilizou-se o pacote BOA - Bayesian Output Analysis - (Smith, 2007) do

programa R (R Development Core Team, 2008) para realizar o teste de Raftery e Lewis (1993) e determinar o novo tamanho da cadeia e *thinning*. A quantidade de cadeias utilizadas variaram de 110.000 a 220.000 ciclos. O *burn-in* foi avaliado pelo critério de Heidelberger e Welch (1983). As médias, desvios padrão e percentis a posteriori dos parâmetros foram obtidos das densidades marginais posteriores pelo Procedimento KDE (*Kernel Density Estimator*) do SAS®.

Foi utilizado o diagnóstico de Geweke (1992) para avaliar a convergência das cadeias para os modelos utilizados. Este critério baseia-se em um teste de igualdade de médias (teste Z) de 10% das amostras iniciais e 50% finais da cadeia de Markov, pela seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{(\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B)}{\sqrt{\frac{1}{n_A} \hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B} \hat{S}_i^B(0)}},$$

$$\text{onde: } \bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}, \quad \bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}, \quad n_A = 66.000,$$

$n_B = 330.000$ ,  $n^* = 330.001$ , e com  $\hat{S}_i^A(0)$  e  $\hat{S}_i^B(0)$ , sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtidas pelo procedimento SPECTRA do SAS®, para os primeiros  $n_A$  e últimos  $n_B$  ciclos da cadeia MCMC de comprimento  $m$ . Valores absolutos extremos do escore  $Z_i$  (teste bicaudal) indicam rejeição do teste de convergência.

O ajuste dos modelos foi avaliado pelo Critério de Informação da *Deviance* (DIC), *Deviance* baseada no Fator de Bayes (FB) e *Deviance* baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO). Menores valores nestes critérios indicam melhores ajustes para os modelos.

Foi realizada a correlação de Spearman para avaliar a classificação dos reprodutores entre os ambientes

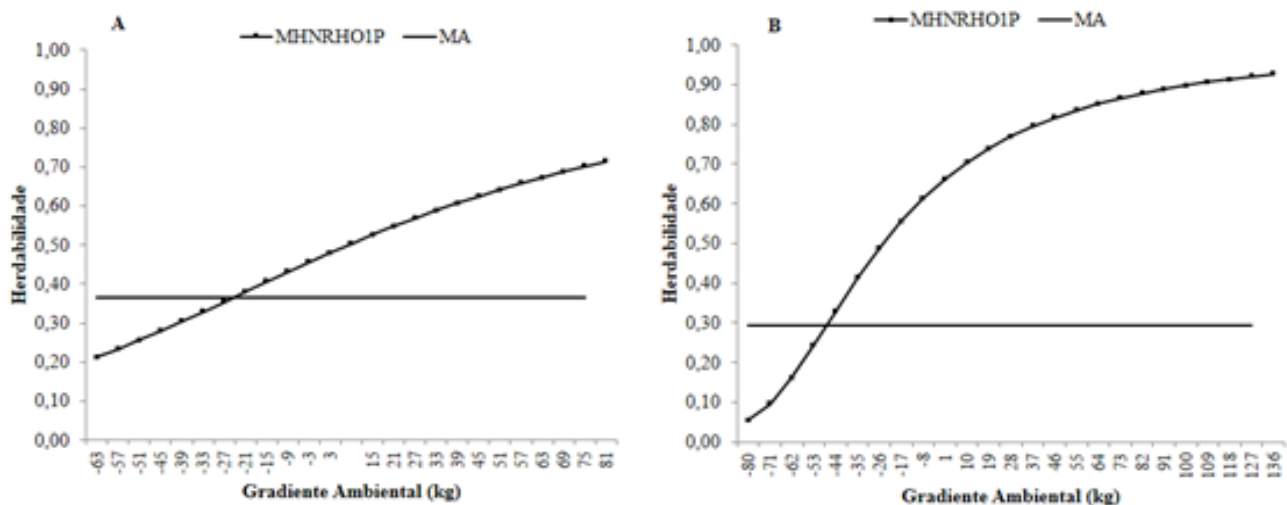


Figura 1. Herdabilidade para o peso aos 365 (A) e 550 dias de idade (B) no modelo animal (MA) e modelo hierárquico de norma de reação com variância residual homocedástica em um passo (MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub>1P) em bovinos da raça Guzerá no Nordeste do Brasil (Herdability for weight at 365 (A) and 550 days of age (B) in the animal model (MA) and hierarchical model of reaction norm with homocedástica residual variance in one step (MHN<sub>R</sub>H<sub>O</sub>1P) in Guzerá cattle in northeastern Brazil).

**Tabela I.** Critério de Informação da *Deviance* (DIC), *Deviance* baseada no fator de Bayes (FB) e *Deviance* baseada na Ordenada Preditiva Condicional (CPO) para o modelo animal (MA), modelo hierárquico de norma de reação homocedástico em dois passos (MHNHRHO<sub>2p</sub>) e um passo (MHNHRHO<sub>1p</sub>) para o peso aos 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Guzerá no Nordeste do Brasil (Deviance Information Criterion (IHD), Deviance based on bayes factor (FB) and Deviance based on conditional predictive order (CPO) for the animal model (MA), hierarchical model of two-step homocedastic reaction standard (MHNHRHO<sub>2p</sub>) and one step (MHNHRHO<sub>1p</sub>) for weight at 365 (P365) and 550 (P550) days of age in Guzerá cattle in northeastern Brazil).

Característica	Modelo	DIC	FB	CPO
P365	MA	84193,92 <sup>3</sup>	68816,25 <sup>3</sup>	72823,03 <sup>3</sup>
	MHNHRHO <sub>2p</sub>	84043,76 <sup>2</sup>	68789,90 <sup>2</sup>	72816,32 <sup>2</sup>
	MHNHRHO <sub>1p</sub>	82174,05 <sup>1</sup>	68361,76 <sup>1</sup>	72814,05 <sup>1</sup>
P550	MA	69446,16 <sup>3</sup>	45893,30 <sup>3</sup>	45893,30 <sup>3</sup>
	MHNHRHO <sub>2p</sub>	54318,04 <sup>2</sup>	44428,40 <sup>2</sup>	44428,40 <sup>2</sup>
	MHNHRHO <sub>1p</sub>	47762,86 <sup>1</sup>	43298,06 <sup>1</sup>	43298,06 <sup>1</sup>

<sup>1,2,3</sup>Ranking do ajuste, menor valor indica melhor ajuste.

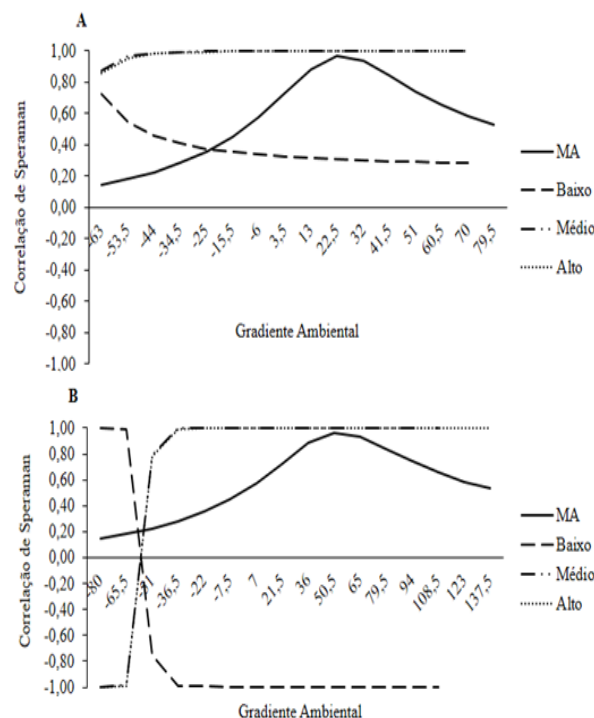
de baixo, médio e alto nível com o intuito de verificar a ocorrência de reordenação entre os touros no P365 e P550. Também avaliou-se a correlação dos valores genéticos ao longo do gradiente ambiental em ambas as características.

Classificou-se os reprodutores de acordo com o desvio padrão e a média da inclinação da norma de reação ( $\sigma_{bi}$  e  $\bar{X}_{bi}$ , respectivamente), em que os animais foram classificados como extremamente robustos ( $b_i \leq \bar{X}_{bi} \pm \sigma_{bi}$ ), robustos ( $\bar{X}_{bi} \pm \sigma_{bi} < b_i \leq \bar{X}_{bi} \pm 2\sigma_{bi}$ ), plásticos ( $\bar{X}_{bi} \pm 2\sigma_{bi} < b_i \leq \bar{X}_{bi} \pm 3\sigma_{bi}$ ) e extremamente plásticos ( $\bar{X}_{bi} \pm 3\sigma_{bi} < b_i$ ). A média e o desvio padrão da inclinação da norma de reação foram de 0,005759 e 0,079547 para o P365 e de 0,007874 e 0,161762 para o P550, respectivamente.

**RESULTADOS**

As médias do P365 e P550 neste estudo foram de 216,73 ± 65,65 kg e 287,97 ± 98,33 kg, respectivamente. Houve convergência apenas para o MA, MHNHRHO<sub>2p</sub> e MHNHRHO<sub>1p</sub> para ambas as características avaliadas (P>0,05 e P>0,01 para o P365 e P550, respectivamente). Os modelos com a inclusão de heterogeneidade de variâncias residuais (MHNHRHO<sub>1p</sub> e MHNHRHO<sub>2p</sub>) apresentaram problemas de convergência, portanto, os resultados dos ajustes para estes modelos não foram demonstrados. O MHNHRHO<sub>1p</sub> teve o melhor ajuste de acordo com o DIC, FB e CPO para o P350 e 550 dias em bovinos Guzerá no Nordeste do Brasil (Tabela I).

As estimativas de herdabilidade no MA foram de 0,37 e 0,29 para o P365 e P550, respectivamente (Figura 1A e B). Foram obtidos valores de herdabilidade variando de 0,21 a 0,71 para o P365 (Figura 1A) e 0,06 a 0,93 para o P550 no MHNHRHO<sub>1p</sub> (Figura 1B) ao longo do gradiente ambiental, sendo verificado que nos am-

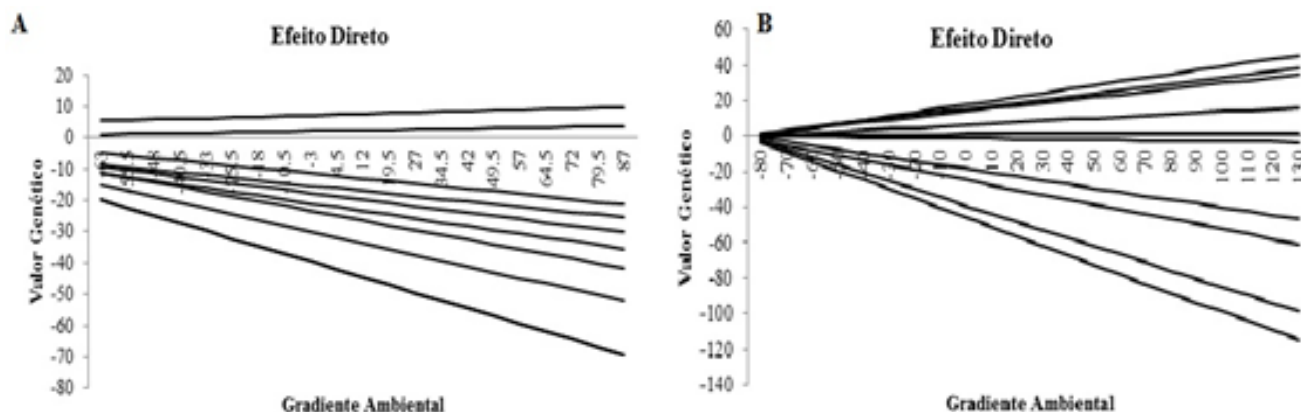


**Figura 2.** Correlações de Spearman para o peso aos 365 (A) e aos 550 dias (B) de idade entre as classificações dos reprodutores obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico de normas de reação um passo em diferentes níveis ambientais (Baixo, Médio e Alto) em bovinos Guzerá no Nordeste do Brasil (Spearman correlations for weight at 365 (A) and 550 days (B) of age between the ratings of the breeders obtained by the animal model (MA) and the hierarchical model of reaction norms one step at different environmental levels (Low, Medium and High) in cattle Guzerá in northeastern Brazil).

bientes de baixo nível as herdabilidades foram menores que no MA e aumentaram a medida que o ambiente melhorou em ambas as características.

As correlações de Spearman das classificações dos reprodutores entre o MA e MHNHRHO<sub>1p</sub> (baixo, médio e alto) para o P365 e P550 variaram de 0,26 a 0,99 e de -0,99 a 0,99, respectivamente (Figura 2A e B). O MHNHRHO<sub>1p</sub> nos ambientes médio e alto apresentaram elevadas correlações de Spearman entre si e com o MA em ambas as características (valores acima de 0,90). Houve baixas correlações de Spearman entre o MHNHRHO<sub>1p</sub> no ambiente de baixo manejo com o MA e MHNHRHO<sub>1p</sub> de médio e alto ambiente (valores entre 0,26 a 0,30) no P365 (Figura 2A), já no P550, estas correlações foram negativas e de alta magnitude (abaixo de -0,90) (Figura 2B).

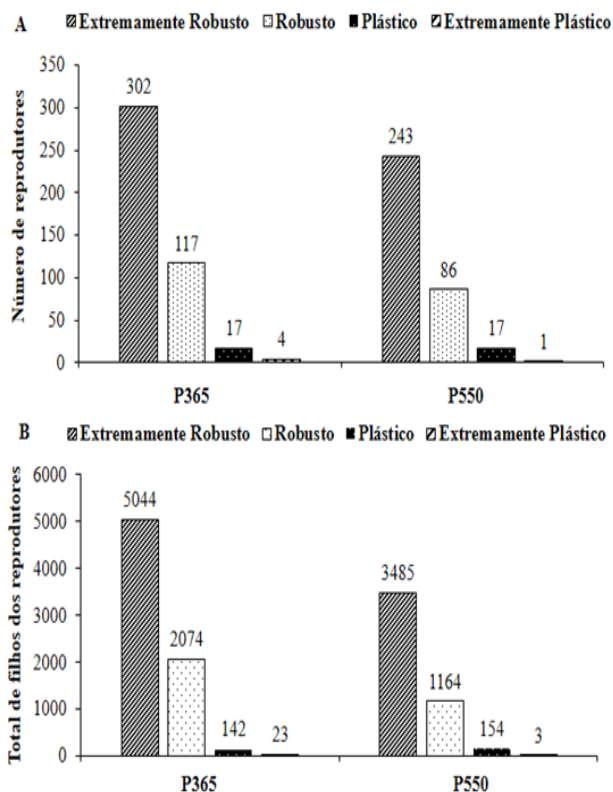
Ao avaliar o comportamento dos valores genéticos dos 10 touros com maiores números de filhos no gradiente ambiental, houve menores diferenças no ambiente de baixo manejo e grandes variações nos ambientes de médio e alto nível de produção (Figura 3). Observou-se IGA com efeito escala no P365 com pouquíssimas alterações de classificação dos reprodutores (Figura 3A). Já para o P550, observou-se inversões de classificação dos animais à medida que o ambiente tornou-se mais favorável, indicando IGA complexa (Figura 3B).



**Figura 3.** Normas de reação ao longo do gradiente ambiental para o peso aos 365 (A) e aos 550 (B) de idade obtidas para os 10 reprodutores com maior número de filhos em bovinos Guzerá no Nordeste do Brasil (Reaction norms along the environmental gradient for weight at 365 (A) and 550 (B) of age obtained for the 10 breeders with the highest number of children in Guzerá cattle in northeastern Brazil).

A maior parte dos touros avaliados foram classificados como extremamente robustos em ambas as características, sendo 68,63% no P365 (302 animais) e 70,08% no P550 (243 animais). O grupo dos robustos apresentou 25,09% no P365 (117 animais) e 24,78% no

P550 (86 animais). Poucos reprodutores foram classificados como plásticos e extremamente plásticos, sendo que houve apenas 17 genótipos plásticos em ambas as características (3,86 e 4,89% para o P365 e P550, respectivamente), quatro genótipos extremamente plásticos no P365 e apenas um no P550, apresentando menos de um por cento nesta última classe nas duas características avaliadas (Figura 4).



**Figura 4.** Classificação dos genótipos de acordo com a sensibilidade (A) e total de filhos dos reprodutores segundo cada classe de sensibilidade (B) para o peso aos 365 (P365) e aos 550 (P550) dias de idade em bovinos raça Guzerá no Nordeste do Brasil (Classification of genotypes according to sensibility (A) and total children of breeders according to each sensitivity class (B) for weight at 365 (P365) and 550 (P550) days of age in Guzerá cattle in northeastern Brazil).

As correlações genéticas ao longo do gradiente ambiental para o P365 apresentaram valores moderados a alto entre o nível de baixo e alto manejo (0,70 a 1,00). Entre o nível baixo e médio manejo foi verificada correlação média, e entre médio e o alto manejo a correlação foi de média para alta (Figura 5A). Para o P550, as correlações genéticas entre os níveis de baixo com os ambientes de médio e alto manejo foram de baixas a alta (de 0,40 a 1,00). Correlação genética alta foi somente verificada entre os ambientes de médio e alto manejo (Figura 5B).

## DISCUSSÃO

O uso da heterogeneidade de variâncias residuais proporciona melhor partição da variação total, no entanto, pode haver problemas de convergência nos modelos. O uso desse efeito causa aumento do número de parâmetros a serem estimados, as matrizes de incidência tornam-se mais densas e a estrutura de covariâncias fica mais complexa, dificultando a convergência de forma proporcional ao aumento do conjunto de dados (El Faro & Albuquerque, 2003), sendo este o provável motivo de não ter havido convergência para o MHNRRHE<sub>1P</sub> e MHNRRHE<sub>2P</sub>.

Quando se trata de MHNRR, a pressuposição de homogeneidade de variâncias residuais tende a proporcionar melhores ajustes que a heterogeneidade (Ambrosini et al., 2014). Além disso, a homogeneidade de variâncias genética e ambiental pode ser considerada quando se avalia reprodutores e matrizes com filhos distribuídos em muitos rebanhos, o que minimiza os efeitos da heterogeneidade de variâncias (Araujo et al.,

2009), fato comum em rebanhos que utilizam a inseminação artificial como ferramenta reprodutiva.

O pior ajuste para o MA, em ambas as características avaliadas, foi também observado em outros estudos (Mattar et al., 2011; Ambrosini et al., 2014). Isso está relacionado ao fato do MA não utilizar o gradiente ambiental na avaliação dos reprodutores, não sendo adequado para situações que a IGA está presente. Melhores ajustes para MHNRRHO<sub>1P</sub> também foram relatados por Cardoso e Tempelman (2012), Ambrosini et al. (2016) e Sousa et al. (2016), demonstrando que é mais adequado estimar os efeitos do ambiente simultaneamente aos outros parâmetros do modelo, como proposto por Su et al. (2006).

Já foram relatados valores de herdabilidade na raça Guzerá de 0,18 para o P365 e P550, obtidos por MA (Santos et al., 2012), sendo valores abaixo aos observados nessas características. Entretanto, Ferreira et al. (2017) observaram herdabilidades de 0,47 e 0,70 para o P365 e P550, respectivamente, em bovinos dessa raça utilizando modelos de regressão aleatória, denotando a possibilidade de diferença nas estimativas desse parâmetro genético de acordo com a metodologia e banco de dados avaliado, sendo necessário considerar a IGA quando este efeito estiver presente. Na raça Nelore, as herdabilidades para o P365 e P550 obtidas por MA foram 0,19 e 0,26, respectivamente, sendo maiores que as observadas para a raça Guzerá nesta pesquisa (Barbosa et al., 2017).

Os maiores valores de herdabilidades obtidos em ambas as características nos ambientes de alto nível indicam que existe maior possibilidade de ganhos genéticos se a seleção for praticada nos ambientes de melhor manejo. Isso ocorreu devido a variância genética aumentar com a melhora do ambiente, o que influencia os valores genéticos dos reprodutores. A tendência de aumento na herdabilidade no MHNRRHO<sub>1P</sub> também foi observada por outros autores estudando bovinos de corte (Ribeiro et al., 2015; Ambrosini et al., 2016a; Sousa et al., 2016). Intervalos de herdabilidade variando de 0,05 a 0,80 foram observados para o P550 em bovinos Nelore (Ambrosini et al., 2014) e 0,10 a 0,80 na raça Canchim (Mattar et al., 2011), corroborando com os resultados desta pesquisa.

Os valores de herdabilidade mais altos que o normal obtidos no MHNRRHO<sub>1P</sub> nos ambientes de melhor manejo estão relacionados a menor interferência do efeito ambiental na variação fenotípica. Isso ocorre devido os animais criados em ambientes favoráveis terem as condições necessárias para expressar o máximo do seu potencial genético. Nesse caso, as diferenças fenotípicas observadas entre os animais criados em ambientes ótimos está mais relacionada ao componente genético, o que aumenta proporção da variância aditiva em relação a fenotípica e, conseqüentemente, pode aumentar excessivamente a herdabilidade da característica. No caso das herdabilidades bem mais baixas no ambiente de baixo manejo, a variância ambiental tende a ter maior proporção da variância fenotípica devido as práticas de otimização do ambiente de produção não serem priorizadas.

Os animais selecionados no ambiente de baixo manejo, para ambos os pesos, não são recomendados para uso em ambientes de médio e alto manejo, em razão das correlações de Spearman baixas no P365 e negativas no P550, observadas no MHNRRHO<sub>1P</sub>. No entanto, animais selecionados com base nas informações de produção da progênie no ambiente de médio manejo pelo MHNRRHO<sub>1P</sub> podem ser utilizados nos ambientes de alto manejo. O MA pode ser utilizado para selecionar reprodutores nos ambientes de médio e alto manejo, devido à alta correlação (acima de 0,90) entre as classificações.

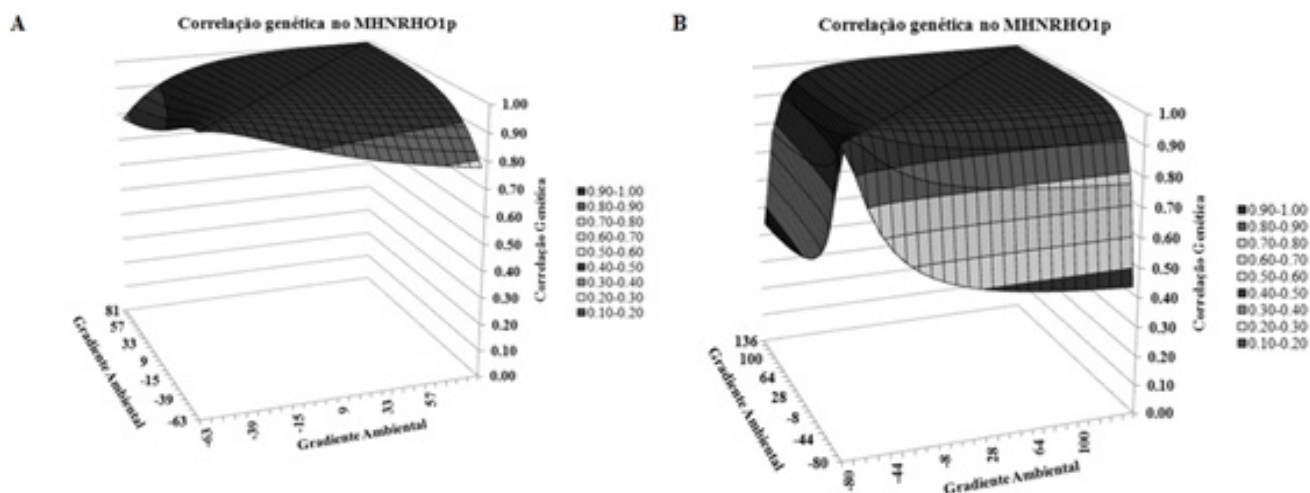
Correlações de Spearman variando de 0 a 0,93 foram relatadas para o P550 na raça Nelore considerando 5 e 10% dos reprodutores de maior valor genético, com maiores valores quando foi considerado 10% (Ambrosini et al., 2014). Baixa ocorrência de reclassificação de reprodutores foi observada para correlações de Spearman acima de 0,72, no entanto, mesmo valores moderados podem representar mudanças importantes (Ambrosini et al., 2016a), sendo necessário realizar medidas para identificação de genótipos adequados para cada ambiente produção específico.

As mudanças na classificação dos reprodutores podem prejudicar os programas de melhoramento quando estas não forem identificadas, pois, um animal que é melhorador em um determinado ambiente pode não ser em outro, retardando o progresso genético. O baixo ganho genético relatado por Santos et al. (2012) para o P365 e P550 na raça Guzerá pode estar relacionado variações no ranking dos reprodutores, que conduz a recomendações equivocadas e, conseqüentemente, flutuações no ganho genético anual.

Carvalho et al. (2013), ao avaliarem bovinos da raça Nelore, verificaram a presença de IGA quando correlacionaram animais nas regiões Norte e Sudeste do Brasil para o P365, afirmando que animais com maior mérito genético em uma região podem não apresentar o mesmo na outra. Este fato também pode observado neste estudo dentro do Nordeste na raça Guzerá, pelo efeito escala no P365, podendo afetar o ganho genético esperado nesta característica.

A presença de IGA complexa é grave, pois a seleção de animais superiores para ambientes de médio e alto níveis de produção, no caso do P550, pode levar a riscos no progresso genético da raça Guzerá se estes animais forem utilizados em ambientes com baixo nível de produção. Mattar et al. (2011), Ambrosini et al. (2014) e Ribeiro et al. (2015) encontraram IGA complexa para bovinos de corte das raças Canchim e Nelore utilizando NR, alertando para a consideração da IGA nas avaliações genéticas nestas condições, corroborando com os resultados desta pesquisa.

Em relação às inclinações das NR dos animais, Ambrosini et al. (2012) e Ambrosini et al. (2014) observaram maior ocorrência de genótipos robustos para o P365 (80,96%) e P550 (81,04%), respectivamente, para bovinos Nelore. No entanto, estes autores utilizaram como critério de classificação o intervalo entre -0,20 e 0,20 para classificar os genótipos como robustos e intermediários em um único grupo, sendo os demais classificados como plásticos, diferindo da metodologia



**Figura 5.** Gráfico de superfície de resposta da correlação dos valores genéticos e o gradiente ambiental para o peso aos 365 (A) e aos 550 (B) dias de idade em bovinos raça Guzerá no Nordeste do Brasil (Graph of surface response of the correlation of genetic values and the environmental gradient for weight at 365 (A) and 550 (B) days of age in Guzerá cattle in northeastern Brazil).

utilizada nesta pesquisa para classificar os genótipos, em que foi utilizado o desvio padrão da média das inclinações.

Maiores quantidades de genótipos extremamente robustos também foram observadas por Ambrosini et al. (2016a), ao avaliarem o ganho de peso ao sobreano e peso aos 205 dias de idade na raça Nelore. Embora estes autores tenham encontrado mais genótipos robustos, observaram que os genótipos plásticos apresentaram mais filhos que as outras classes, divergindo dos resultados dessa pesquisa, que os genótipos extremamente robustos deixaram maiores progênie que os genótipos mais sensíveis (**Figura 4B**), indicando que houve maior uso de genótipos extremamente robustos na raça Guzerá no Nordeste do Brasil.

O uso de genótipos robustos deve ser feito com cuidado, visto que alguns estudos demonstraram que estes genótipos tendem a ser menos produtivos (Mattar et al., 2011; Cardoso & Tempelman, 2012; Ambrosini et al., 2014), podendo ser generalizada esta mesma recomendação para genótipos extremamente robustos. O fato dos genótipos robustos serem menos sensíveis às variações ambientais muitas vezes é interpretado de forma equivocada, trazendo a ideia de que são melhores devido manterem seu potencial genético mesmo em ambientes diferentes.

A indicação de reprodutores com genótipos robustos muitas vezes é utilizada como uma alternativa nessas situações. Entretanto, maiores ganhos genéticos em ambientes favoráveis podem ficar comprometidos quando isso ocorre, simplesmente pelo fato dos genótipos robustos não serem sensíveis às mudanças ambientais. Assim, pode-se fazer algumas ressalvas nesta recomendação, indicando os genótipos robustos para ambientes desfavoráveis e genótipos plásticos para melhores ambientes, pois estes responderiam melhor nesses ambientes.

O simples fato da pré-seleção dos animais realizada ao ano pode refletir em maiores reordenações na clas-

sificação dos reprodutores para o P550 em relação ao P365, como observado nesta pesquisa. Este fato pode estar relacionado à maior variação fenotípica e genética para o P550. A maior variação fenotípica e genética do P550 em relação ao P365 pode ser observada pela magnitude do desvio padrão em relação à média (98,33 Kg), que mostra um coeficiente de variação de 34%, e o maior intervalo de valores de herdabilidade estimados no  $MHNRHO_{1P}$ .

Os resultados observados para as correlações genéticas em ambas as características estudadas também apontam a existência de IGA. Valores baixos para a correlação genética indicam a existência de IGA, nesses casos, grupos distintos de genes podem estar atuando na expressão das características nos diferentes ambientes (Falconer & Mackay, 1996). Os valores estimados das correlações de Spearman (**Figura 2**) e as NR dos indivíduos (**Figura 3**) corroboram a existência da IGA.

Em bovinos da raça Nelore, Ambrosini et al. (2012) e Ambrosini et al. (2014) encontraram, respectivamente, pequena amplitude de correlação genética para o P365 no  $MHNRHO_{1P}$  (0,78 a 1,00) e grande amplitude para o P550 (-0,85 a 1,00). Mattar et al. (2011), ao avaliarem a raça Canchim, encontraram amplitude de correlação entre os valores genéticos e o gradiente ambiental de 0,24 a 1,00, mostrando respostas diferentes dos genótipos frente às mudanças ambientais, sendo um efeito típico da IGA. Os valores mais altos das correlações genéticas podem ser explicados em partes pelos valores extremos da variância aditiva, que é utilizada no cálculo desse parâmetro genético.

A presença da IGA em várias características produtivas e reprodutivas vem sendo descrita por vários autores nos rebanhos bovinos brasileiros (Mattar et al., 2011; Ambrosini et al., 2016a; Ambrosini et al., 2016b; Araujo Neto et al., 2018; Oliveira et al., 2018), denotando a necessidade de inclusão deste efeito nos programas de avaliação genética. A diversidade de ambientes de produção neste país, inclusive dentro de uma única

região, como o Nordeste brasileiro, é responsável por estas alterações, causando IGA também em bovinos da raça Guzerá e, possivelmente, prejudicando os ganhos genéticos.

A maior dificuldade para considerar a presença da IGA nas avaliações genéticas pode estar na caracterização dos ambientes de produção. A definição dos ambientes de produção por meio da solução dos GCs pode ser uma alternativa nesse contexto. O GC demonstra o nível de produção de determinado grupo, podendo ser um indicativo da qualidade do sistema de produção e, de modo análogo, servir de base para classificá-lo. Posteriormente, poderiam ser feitas as recomendações dos genótipos com bases nos ambientes definidos pela solução dos GCs.

## CONCLUSÕES

Existe interação genótipo ambientes para o P365 e P550 dias de idade em bovinos da raça Guzerá no Nordeste do Brasil. A interação genótipo ambiente apresentou efeito escala para o P365 e complexa para P550. O modelo hierárquico de normas de reação homocedástico em um passo foi o de melhor ajuste aos dados. Animais selecionados para reprodutores nos ambientes de média e alta produção não são recomendados para ambientes de baixo manejo.

## AGRADECIMENTOS

Agradecemos à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) por fornecer a base de dados, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) pelo apoio financeiro.

## BIBLIOGRAFIA

Ambrosini, DP, Carneiro, PLS, Braccini Neto, J, Martins Filho, R, Amaral, RDS, Cardoso, FF & Malhado, CHM 2014, 'Reaction norms models in the adjusted weight at 550 days of age for Polled Nelore cattle in Northeast Brazil', *Revista Brasileira de Zootecnia*, vol. 43, no. 7, pp. 351-357.

Ambrosini, DP, Malhado, CHM, Martins Filho, R, Cardoso, FF & Carneiro, PLS 2016b, 'Genotype x environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brazil', *Tropical Animal Health Production*, vol. 48, no. 7, pp. 1401-7.

Ambrosini, DP, Carneiro, PLS, Braccini Neto, J, Malhado, CHM, Martins Filho, R & Cardoso, FF 2012, 'Interação genótipo x ambiente para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil', *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 47, no. 10, pp. 1489-1495.

Ambrosini, DP, Malhado, CHM, Martins Filho, R & Carneiro, PLS 2016a, 'Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de crescimento em bovinos Nelore', *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 51, no. 2, pp. 177-186.

Araujo, CV, Resende, GSA, Araujo, SI, Rennó, FP, Tomazini, API & Marques, JRF 2009, 'Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência Bayesiana', *Acta Scientiarum Animal Science*, vol. 31, no. 2, pp. 205-211.

Araujo Neto, FR, Pegolo, NT, Aspilcueta-Borquis, RR, Pessoa, MC, Bonifácio, A, Lobo, RB & Oliveira, HN 2018, 'Study of the effect of genotype-environment interaction on age at first calving and production traits in Nelore cattle using multi-trait reaction norms and Bayesian inference', *Animal Science Journal*, vol. 89, no. 5, pp. 1-7.

Barbosa, ACB, Carneiro, PLS, Rezende, MPG, Ramos, IO, Martins Filho, R & Malhado, CHM 2017, 'Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore no Brasil', *Archivos de Zootecnia* vol. 66, no. 255, pp. 447-450.

Cardoso, FF, Rosa, GJM & Tempelman, RJ 2005b, 'Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances', *Journal of Animal Science*, vol. 83, no. 8, pp. 1766-1779.

Cardoso, FF & Tempelman RJ 2012, 'Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction', *Journal of Animal Science*, vol. 90, no. 7, pp. 2130-2141.

Cardoso, FF 2010, 'Aplicação da inferência bayesiana no melhoramento animal usando o programa InterGen: manual da versão 1.2', Embrapa Pecuária Sul, Bagé, Brasil.

Carvalho, CVD, Bittencourt, TCC, Lôbo, RB, Pinto, LFB & Nascimento, MC 2013, 'Interação genótipo-ambiente sobre os pesos aos 205 e 365 dias de idade em bovinos da raça Nelore em diferentes regiões do Brasil', *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, vol. 14, no. 1, pp. 10-20.

El Faro, L & Albuquerque, LG 2003, 'Utilização de Modelos de Regressão Aleatória para Produção de Leite no Dia do Controle, com Diferentes Estruturas de Variâncias Residuais', *Revista Brasileira de Zootecnia*, vol. 32, no. 5, pp. 1104-1113.

Falconer, DS & Mackay, TFC 1996, 'Introduction to quantitative genetics', 4th ed. Essex: Longman: Pearson.

Ferreira, JL, Bresolin, T, Lopes, FB, Garcia, JAS, Nepomuceno, LL, Schmidt, AB, & Lobo, RB 2017, 'Modelos de regressão aleatória para característica de crescimento em bovinos da raça Guzerá', *Ciência Animal Brasileira*, vol. 18, pp. 1-12.

Geweke, J 1992, 'Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments, In: Bernardo, JM, Berger, JO, Dawid, AP, Smit, AFM. *Bayesian statistics*, New York: Oxford University, p526-557.

Hay, EW & Roberts, A 2018, 'Genotype x prenatal and post-weaning nutritional environment interaction in a composite beef cattle breed using reaction norms and a multi-trait model', *Journal of Animal Science*, vol. 96, no. 2, pp. 444-453.

Heidelberger, P & Welch, P 1983, 'Simulation run length control in the presence of an initial transient', *Operations Research*, vol. 31, no. 6, pp. 1109-1144.

Kolmodin, R, Stramberg, E, Madsen, P, Jensen, J & Jorjani, H 2002, 'Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms', *Acta Agriculturae Scandinavica*, vol. 52, no. 1, pp. 11-24.

Mattar, M, Silva, LOC, Alencar, MM & Cardoso, FF 2011, 'Genotype x environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis', *Journal of Animal Science*, vol. 89, no. 8, pp. 2349-2355.

Mota, LFM, Abreu, LRA, Silva, MA, Pires, AV, Lima, HJD, Bonafé, CM, Costa, LS, Souza, KAR & Martins, PGMA 2015, 'Genotype x dietary (methionine+cystine): Lysine ratio interaction for body weight of meat type quails using reaction norm models', *Livestock Science*, vol. 182, pp. 137-144.

Mota, RR, Tempelman, RJ, Lopes, PS, Aguiar, I, Silva, FF & Cardoso, FF 2016, 'Genotype by environment interaction for tick resistance of Hereford and Bradford beef cattle using reaction norm models', *Genetic Selection and Evolution*, vol. 48, pp. 3-15.

Oliveira, DP, Lourenco, DAL, Tsuruta, S, Misztal, I, Santos, DJA, Araújo Neto, FR, Aspilcueta-Borquis, RR, Baldi, F, Carvalheiro, R, Camargo, GMF, Albuquerque, LG & Tonhati, H 2018, 'Reaction norm for yearling weight in beef cattle using single-step genomic evaluation', *Journal of Animal Science*, vol. 96, no. 1, pp. 27-34.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R foundation for statistical computing. URL <http://www.R-project.org>. 2008.

Raftery, AE & Lewis, SM 1993, 'One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo', *Statistics Science*, vol. 7, no. 4, pp. 493-497.



- Ribeiro, S, Eler, JP, Pedrosa, VB, Rosa, GJM, Ferraz, JBS & Balieiro, JCC 2015, 'Genotype x environment interaction for weaning weight in Nelore cattle using reaction norm analysis', *Livestock Science*, vol. 176, pp. 40-46.
- Rodrigues, FB, Carneiro, PLS, Ramos, AA, Ambrosini, DP & Malhado, CHM 2015, 'Interação genótipo x ambiente para peso aos 365 dias em bubalinos da raça Mediterrâneo', *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 50, no. 7, pp. 615-621.
- Roso, VM & Shenkel FS 2006, 'AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups', In: *8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Belo Horizonte, MG, Brasil, August pp. 13-18.
- Santos, LH, Oliveira, SMP, Malhado, CHM, Carneiro, PLS, Martins Filho, R, Lôbo, RNB & Rodrigues, DS 2012, 'Estrutura populacional e tendências genéticas e fenotípicas da raça Guzerá no Nordeste do Brasil', *Revista Brasileira Saúde e Produção Animal*, vol. 13, no. 4, pp. 1032-1043.
- SAS Institute Inc. 2002. *Statistical Analysis System user's guide*. Version 9.0 ed. SAS Institute. Cary. USA.
- Smith, BJ 2007, 'boa: An R Package for MCMC Output Convergence Assessment and Posterior Inference', *Journal of Statistical Software*, vol. 11, no. 11, pp 1-37.
- Souza, LA, Malhado, CHM, Braccini Neto, J, Martins Filho, R & Carneiro PLS 2016, 'Genotype-environment interactions on the weight of Tabapua cattle in the northeast of Brazil', *Revista Caatinga*, vol. 29, no. 1, pp. 206-215.
- Su, G, Madsen, P, Lund, MS, Sorensen, D, Korsgaard, IR & Jensen J 2006, 'Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates', *Journal of Animal Science*, vol. 84, no. 7, pp. 1651-1657.