

FERNANDA LARISSA CESAR SANTOS

**MODELO DE NORMA DE REAÇÃO PARA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS
DA RAÇA GUZERÁ**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Paulo Sávio Lopes

Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva
Maria Gabriela C. Diniz Peixoto
Renata Veroneze

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S237m
2022

Santos, Fernanda Larissa Cesar, 1996-
Modelo de norma de reação para avaliação da interação
genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto em bovinos da
raça Guzerá / Fernanda Larissa Cesar Santos. – Viçosa, MG,
2022.

1 dissertação eletrônica (32 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Paulo Sávio Lopes.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Zootecnia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 29-32.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.600>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Guzerá (Bovino) - Reprodução - Aspectos ambientais.
2. Interação genótipo-ambiente. I. Lopes, Paulo Sávio, 1958-
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 636.2082

Bibliotecário(a) responsável: Alice Regina Pinto Pires CRB-6/2523

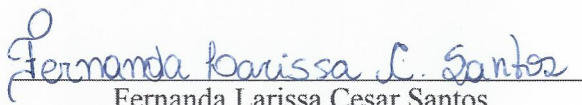
FERNANDA LARISSA CESAR SANTOS

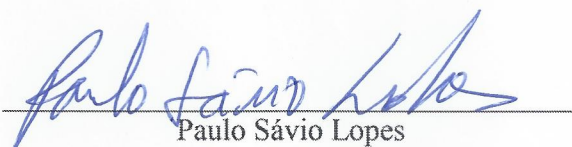
**MODELO DE NORMA DE REAÇÃO PARA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS
DA RAÇA GUZERÁ**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 14 de julho de 2022.

Assentimento:


Fernanda Larissa Cesar Santos
Autora


Paulo Sávio Lopes
Orientador

Aos meus amados pais, Fernando e Nely e a minha avó Rosa.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus pela dádiva da vida e por me conceder a oportunidade de realizar tantos sonhos nesta existência.

À Universidade Federal de Viçosa – UFV, especialmente ao Departamento de Zootecnia, pela estrutura e oportunidade de realização deste curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Gado de Leite e ao Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG2), pelo fornecimento dos dados para realização deste trabalho.

Ao Professor Paulo Sávio Lopes, pelos conselhos, ensinamentos e orientação.

A Dra. Maria Gabriela Campolina Peixoto, pelo apoio, atenção e conselhos na execução do trabalho.

Aos Professores Renata Veroneze e Delvan Alves da Silva, pela disponibilidade e auxílio na execução deste trabalho.

Ao Professor Fabyano Fonseca e Silva (in memoriam), pelos ensinamentos, apoio e conselhos para elaboração do trabalho.

Agradeço à minha família por todo entusiasmo e incentivo.

Aos meus pais deixo um agradecimento especial por todas lições de amor que aprendi até aqui, por meio do apoio incondicional e dedicação direcionados a mim. Amo vocês infinitamente.

Ao meu namorado Gabriel, pela oportunidade de compartilhar tantos momentos felizes ao seu lado. Obrigada por todo apoio, cuidado e companheirismo nos momentos difíceis.

Aos meus amigos: Antônio, Arícia, Bruna, Jéssica e Layla, obrigada por todas as experiências e boas lembranças que construímos. Ter vocês comigo transformou Viçosa em um lugar seguro, com jeito de lar.

À minha companheira de curso Tainara, obrigada pela amizade e por ser minha companhia nos perrengues e “surtos” cotidianos.

Aos meus colegas do Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento Genético Animal-UFV, pelo compartilhamento de ideias e pelas discussões sempre proveitosas. Agradeço especialmente à Eula, por toda paciência, dedicação e suporte na realização deste trabalho.

Agradeço às minhas amigas de longa data Laryssa e Mariana, pelo apoio, pela amizade de sempre e pela presença, apesar da distância e das obrigações da vida adulta.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho, o meu muito obrigada.

“Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar.

Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota”.

Madre Teresa de Calcutá

RESUMO

SANTOS, Fernanda Larissa Cesar, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2022. **Modelo de norma de reação para avaliação da interação genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto em bovinos da raça Guzerá.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Coorientadores: Fabyano Fonseca e Silva (*in memorian*), Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto e Renata Veroneze.

Avaliou-se no presente estudo a ocorrência de interação genótipo x ambiente (IGA) na idade ao primeiro parto (IPP) em bovinos da raça Guzerá. Para tanto, foram utilizadas informações de IPP de 6781 animais fornecidos pelo Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL), coordenado pela Embrapa Gado de Leite e pelo Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²). A estação de nascimento foi dividida em seca (abril a setembro) e chuvosa (outubro a março). Foram formados grupos de contemporâneos (GC) considerando rebanho e ano e definidos como gradiente ambiental. Apenas os GC com no mínimo três registros de filhas de dois reprodutores diferentes foram considerados neste estudo. Foi utilizada a metodologia de normas de reação em dois passos, via inferência Bayesiana para investigar a ocorrência de IGA na idade ao primeiro parto. O primeiro passo foi conduzido utilizando um modelo unicaracterístico a fim de obter as soluções dos GC. O segundo passo consistiu na avaliação da IGA por meio dos modelos de normas de reação via polinômios de Legendre, utilizando as soluções dos GC como sendo o gradiente ambiental. Os reprodutores foram classificados quanto à plasticidade e foram plotadas as normas de reação dos valores genéticos em função dos gradientes ambientais. Observou-se maiores estimativas de variâncias genética e residual nos ambientes de baixo desempenho. O mesmo ocorreu com as estimativas de herdabilidade, tendo sido 0,34 o valor médio encontrado. A correlação entre o intercepto e a inclinação da norma de reação foi de alta magnitude (0,86), caracterizando interação genótipo ambiente do tipo escala. A correlações genéticas entre os ambientes de média e baixa produtividade foram de alta magnitude (0,97). O ambiente de alta produtividade apresentou baixa correlação com os demais ambientes, sugerindo que os animais selecionados no ambiente de alta produtividade irão apresentar diferenças no seu desempenho para IPP, se submetidos aos demais ambientes. A maior parte dos touros presentes no banco de dados foi considerada como robusto (68,07%), seguida por plásticos (26,41%) e extremamente plásticos (5,42%). Foram calculadas as correlações de Spearman para os valores genéticos preditos nos diferentes ambientes e a porcentagem de animais comuns dentro do intervalo de top 10%

animais em cada ambiente. As estimativas obtidas sugerem a ocorrência de reclassificação dos animais entre os diferentes ambientes, indicando a ocorrência da IGA para IPP em bovinos Guzerá.

Palavras-chave: Bovino. Grupo de Contemporâneos. Precocidade. Sensibilidade ambiental.

ABSTRACT

SANTOS, Fernanda Larissa Cesar, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2022. **Reaction norm model to evaluate the genotype x environment interaction for age at first calving in Guzerá cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Fabyano Fonseca e Silva (*in memorian*), Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto and Renata Veroneze.

The present study evaluated the occurrence of genotype x environment interaction (GE) at age at first calving (AFC) in Guzerá cattle. For that, was used information from 6781 animals provided by the National Program for the Improvement of Guzerá for Dairy Purpose (PNMGuL), coordinated by Embrapa Gado de Leite and the Brazilian Center for Genetic Improvement of Guzerá (CBMG2). The birth season was divided into dry (April to September) and rainy (October to March). Contemporary groups (CG) were formed considering herd and year and defined as environmental gradient. Only CGs with at least three records of daughters from two different sires were considered in this study. The two-step reaction norms methodology, via Bayesian inference, was used to investigate the occurrence of GE at age at first calving. The first step was conducted using a single-characteristic model in order to obtain the GC solutions. The second step consisted of evaluating the GE through the models of reaction norms via Legendre polynomials, using the GC solutions as the environmental gradient. Breeders were classified according to plasticity and the reaction norms of breeding values were plotted as a function of environmental gradients. Higher estimates of genetic and residual variances were observed in low performance environments. The same occurred with heritability estimates, with an average value of 0.34. The correlation between the intercept and the slope of the reaction norm was of high magnitude (0.86), characterizing a scale-type genotype-environment interaction. The genetic correlations between medium and low productivity environments were of high magnitude (0.97). The high productivity environment presented low correlation with the other environments, suggesting that the animals selected in the high productivity environment will present differences in their performance for IPP, if submitted to the other environments. Most of the bulls present in the database were considered robust (68.07%), followed by plastic (26.41%) and extremely plastic (5.42%). Spearman correlations were calculated for the predicted breeding values in the different environments and the percentage of common animals within the range of top 10% animals in each environment. The estimates obtained suggest the occurrence of reclassification of animals between different environments, indicating the occurrence of GE for AFC in Guzerá cattle.

Keywords: Bovine. Contemporary Group. Precocity. Environmental sensitivity.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	12
REVISÃO DE LITERATURA	13
A raça Guzerá	13
Idade ao primeiro parto (IPP)	14
Interação Genótipo x Ambiente	15
Modelo de Normas de Reação	16
OBJETIVOS	17
Objetivos Gerais	17
Objetivos específicos	17
MATERIAL E MÉTODOS	17
Descrição dos Dados	17
Análises Genéticas	18
RESULTADOS	22
DISCUSSÃO	25
CONCLUSÃO	28
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29

INTRODUÇÃO

O gado zebuino, oriundo da Índia, conquistou destaque nos sistemas de produção do Brasil e nas demais regiões tropicais por sua rusticidade e adaptabilidade. Por serem rústicos e produtivos, os rebanhos de animais zebuínos se mostram muito vantajosos para a pecuária nacional, uma vez que apresentam menor custo de manutenção. A raça Guzerá atende plenamente a diversos nichos de mercado – leite e corte especializados e duplo propósito. É uma raça versátil, sendo utilizada pura ou em cruzamentos.

O Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá (CBMG), criado na década de 90 e que posteriormente passou a ser CBMG², surgiu com objetivo de aumentar o desempenho produtivo da raça, mantendo a sua rusticidade e adaptabilidade. O CBMG² realiza desde então, juntamente com a Embrapa Gado de Leite, as avaliações genéticas para a seleção de bovinos Guzerá.

Características ligadas à precocidade sexual, vêm sendo utilizadas nos programas de melhoramento genético de bovinos no Brasil como critérios de seleção. A idade ao primeiro parto (IPP) é uma característica indicativa de precocidade reprodutiva em fêmeas, e se destaca por ser de fácil mensuração apresentando herdabilidade moderada (0,25) em bovinos Guzerá (Brito et al., 2020). Os diversos programas brasileiros de melhoramento genético de bovinos têm realizado avaliações genéticas para IPP, incluindo o Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite.

Sabe-se que as variações ambientais são um dos principais fatores que influenciam a precocidade sexual em bovinos no Brasil, (Nepomuceno et al. 2017; Ferraz et al. 2018). A idade ao primeiro parto pode ser afetada também por fatores não genéticos, como estresse térmico e nutrição, que desempenham um papel importante no desenvolvimento dos animais até a sua idade reprodutiva. Diante da extensão territorial do Brasil, das diferenças climáticas entre as regiões e da diversidade dos sistemas de produção, é fundamental verificar a existência da interação entre o genótipo e o ambiente na expressão das características de interesse.

Segundo Falconer e Mackay (1996), o efeito da interação genótipo x ambiente (IGA) ocorre quando um conjunto de genótipos sofre alterações em seu desempenho relativo em ambientes diferentes. Esse efeito pode expressar-se de diferentes formas e intensidades, sendo a expressão mais extrema representada pela inversão de classificação dos diferentes genótipos em função do ambiente a que foram submetidos, em que se observa mudanças nas variâncias

genéticas, fenotípicas e ambientais, e alteração nas estimativas dos parâmetros genéticos. A utilização das normas de reação é uma forma de se avaliar a interação genótipo x ambiente bastante utilizada para várias características em bovinos de corte e leite (Strandberg et al., 2009; Espasandin et al., 2011).

Embora a IPP já esteja consolidada como uma característica de grande relevância para o melhoramento da raça Guzerá, ainda não se tem informações a respeito da ocorrência da IGA para essa característica, bem como da possível reclassificação de touros devido à interação.

Deste modo, o estudo do efeito da interação genótipo x ambiente para IPP é fundamental para a otimização do ganho genético nesta característica, uma vez que permitirá identificar os melhores touros para os melhores ambientes.

REVISÃO DE LITERATURA

A raça Guzerá

A raça Guzerá, de origem indiana, foi inicialmente importada para o Brasil por volta de 1870. Rapidamente mostrou-se como uma raça versátil por excelência, devido sua alta capacidade de adaptação e possibilidade de ser explorada sob o contexto de duplo propósito, i.e. produção de leite e carne.

O Guzerá era a raça de maior contingente no país até o início da década de 20, quando foi utilizada como base genética para formação de outras raças, como a “Indubrasil”, por exemplo. Assim, fêmeas Guzerá eram adquiridas para realização de cruzamentos, resultando na redução o tamanho efetivo da população pura (Fonseca et al., 2016). Após a Grande Seca no Nordeste nos anos de 1978-1983, a raça ganhou destaque novamente por sobreviver produtivamente em condições que outras raças não sobreviviam (Ximenes & Martins, 2018), ressaltando sua rusticidade e adaptabilidade.

O processo de modernização da pecuária leiteira no Brasil se intensificou a partir da década de 1990 (Fratari & Matos, 2019), sendo este um momento determinante para delinear o futuro dos produtores de leite. No mesmo período, buscando aumentar o desempenho produtivo da raça Guzerá, foi criado o Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá (CBMG), atualizado para CBMG². Desde então, os animais são avaliados para as características leiteiras por meio do teste de progênie (TP) e do esquema de Núcleo MOET (Peixoto et al., 2009). O Núcleo

MOET do Guzerá foi pioneiro na avaliação de animais zebuínos, sendo também o primeiro implantado em um país de condições tropicais.

O Guzerá possui linhagens definidas para corte, para leite e para ambos, mantendo sua adaptabilidade e rusticidade, que são de suma importância dentro dos sistemas de produção mais comuns no país. No ano 2000 foi publicado o primeiro sumário para touros Guzerá selecionados para produção leiteira. Desde então, anualmente, um novo sumário é lançado com a classificação dos animais com base nas suas DEPs e no desempenho de suas filhas nos diferentes níveis de manejo dos rebanhos. Os sumários contam ainda com informações genéticas das características de produção avaliadas, conformação, manejo, corte e reprodução. (Bruneli et al., 2021).

Idade ao primeiro parto (IPP)

A eficiência econômica dos sistemas de produção é fator importante para que a atividade se mantenha competitiva. Em bovinos, esta é diretamente relacionada com a melhoria do desempenho reprodutivo e com a precocidade dos animais, aspecto que precisa ser melhor explorado em zebuínos no geral (Faro & Peixoto, 2013). A melhoria da precocidade permite o aumento do tempo de produção dos animais (vida útil) e, conseqüentemente, o aumento da lucratividade da atividade leiteira, contribuindo para o incremento dos ganhos genéticos a serem alcançados (Pereira, 2008).

A intensa seleção buscando avanços nas características produtivas pode causar perdas genéticas em características ligadas à adaptação e à fertilidade. Este fato tem sido atribuído a uma associação genética desfavorável entre a produção de leite e fertilidade (Oltenucu e Broom, 2010). Dessa forma, a inclusão de características reprodutivas nos programas de avaliação genética serve como ferramenta para evitar os impactos causados pela intensa seleção visando somente o aumento de produção, além de permitir a obtenção de animais mais lucrativos para os sistemas de produção.

Dentre as características reprodutivas, a idade ao primeiro parto (IPP) é a que mais se destaca, por ser relacionada à alta fertilidade e eficiência reprodutiva em bovinos, por ser de fácil mensuração e de baixo custo, e por possuir considerável variabilidade genética (Faro & Peixoto, 2013). Altos valores de IPP acarretam em baixa lucratividade dos criatórios de bovinos em regiões de clima tropical, muitas vezes, atribuída ao atraso do primeiro cio fértil, além da menor pressão de seleção exercida nos criatórios de zebuínos em comparação aos de taurinos.

Silveira et al. (2014) detectaram a presença de influência do ambiente para idade ao primeiro parto em fêmeas da raça Nelore. Segundo os autores, espera-se que em condições mais favoráveis ou com menor restrição ambiental a resposta à seleção para diminuir IPP seja maior. De acordo com Ferraz et al. (2018), a IPP é uma característica sujeita à influência do manejo reprodutivo e nutricional adotado na fazenda. Ao se considerar que muitas fazendas praticam a estação de monta, existe a possibilidade da data do primeiro cio de determinado animal não coincidir com a época de cobrição adotada, influenciando na sua idade ao primeiro parto. Ademais, animais que não emprenham em consequência de erros no procedimento da inseminação, por exemplo, podem ser prejudicados no momento da seleção, uma vez que por mais que apresentem potencial genético para precocidade sexual, não apresentarão bom desempenho fenotípico de acordo com os registros de parição.

Além disso, a idade ou o peso geralmente são adotados como parâmetros condicionais para o início da vida reprodutiva. Dessa forma, a identificação das novilhas precoces fica comprometida. Portanto, é importante considerar a influência de fatores não genéticos quando tal característica for utilizada como critério de seleção.

Interação Genótipo x Ambiente

Os programas de melhoramento genético realizam a avaliação genética e selecionam os melhores indivíduos para reprodutores utilizando dados de progênies nascidas em várias regiões e submetidas a diferentes condições ambientais durante sua vida. Embora, os programas tenham sido bem sucedidos e proporcionado ganhos genéticos significativos para várias características de importância econômica, sabe-se que pode existir interação genótipo x ambiente (IGA) para diversas características e que essa informação deveria ser utilizada na escolha dos touros. A IGA pode ser expressa de diferentes formas e intensidades, sendo a expressão mais extrema dada pela inversão de classificação dos diferentes genótipos dependendo do ambiente onde foram avaliados (Pégolo et al, 2009).

A variação não genética é considerada variação de causa ambiental para o melhoramento animal (Cardoso, 2015), podendo ser definida também como o conjunto de elementos, sejam fatores físicos, químicos e, ou, biológicos (King et al., 2006) que podem exercer influência sobre a expressão das características dos animais. Tendo em vista a extensão territorial do Brasil e as diferenças climáticas, bem como de relevo e altitude, além dos diferentes sistemas de produção e manejo, é necessário que os programas de melhoramento genético levem em consideração o impacto dessas diferenças no desempenho dos animais testados, uma vez que,

de acordo com Falconer e Mackay (1996), os melhores genótipos para um dado ambiente podem apresentar resultados insatisfatórios quando inseridos em outras condições ambientais e de manejo.

Em geral, os estudos sobre IGA são desenvolvidos por meio da análise multivariada e normas de reação. As normas de reação são recomendadas para avaliação genética quando se possui grandes gradientes ambientais, pois utiliza a regressão aleatória linear, em que é descrita a mudança gradual e contínua do valor genético de cada animal, em função do gradiente ambiental, ou seja, a norma de reação do animal às variações gradativas do ambiente (Ambrosini et al., 2016).

Modelo de Normas de Reação

Existem conceitos e metodologias utilizados para compreender e identificar a IGA, como os modelos de normas de reação via regressão aleatória. O modelo de normas de reação é aplicado quando existe um gradiente ambiental, podendo ser generalizado para um número infinito de ambientes, dessa forma o modelo ajusta uma regressão dos valores genéticos dos animais no valor médio do desempenho observado em cada ambiente onde sua progênie é criada (De Jong, 1995; Falconer & Mackay, 1996). Essa metodologia é eficiente para estudos que envolvem IGA uma vez que permite acomodar um elevado número de níveis ambientais com poucos parâmetros e observar o comportamento do valor genético na presença de mudanças graduais e contínuas ao longo de um gradiente ambiental.

Os gradientes ambientais podem ser facilmente delimitados em estudos conduzidos em laboratório ou em experimentos de campo controlados. Para avaliações genéticas de animais, os gradientes ambientais podem ser definidos de diferentes formas, utilizando, por exemplo, índices de temperatura e umidade (Santana Jr. et al., 2016), ou utilizando efeitos conhecidos de fatores ambientais como rebanho, ano, estação de nascimento, manejo, região, etc. ou combinações destes fatores, definidos como grupos de contemporâneos (Silva et al., 2014).

Para estimar os efeitos dos gradientes ambientais, pode-se utilizar um modelo animal, como realizado por Kolmodin et al. (2002), Calus & Veerkamp (2003) e Cardoso et al. (2005). Após a etapa de estimativa dos efeitos dos gradientes, eles são incorporados como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória. Ao se considerar uma norma de reação linear, a sensibilidade do genótipo sobre o gradiente ambiental conhecido é dada pela inclinação da reta da regressão (Sae-Lim et al., 2016). Embora o método inclua informação de

uma variável dependente no modelo, tem-se como vantagem a possibilidade de discriminar objetivamente os ambientes como mais ou menos favoráveis (Kolmodin et al., 2002).

Em estudo aplicando a metodologia de normas de reação, Araujo Neto et al. (2010) detectaram a presença de interação genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto em fêmeas da raça Nelore. As estimativas de herdabilidade encontradas pelos autores aumentaram quando o gradiente ambiental melhorava (ambientes menos restritivos), variando de 0,14 a 0,26. As variâncias genéticas aditivas aumentaram com a melhoria do nível do gradiente ambiental.

OBJETIVOS

Objetivos Gerais

Objetivou-se avaliar a ocorrência de interação genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto de bovinos da raça Guzerá, utilizando normas de reação.

Objetivos específicos

Estimar parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto de bovinos da raça Guzerá.

Avaliar a importância da IGA para a idade ao primeiro parto de bovinos da raça Guzerá em função dos grupos de contemporâneos.

MATERIAL E MÉTODOS

Descrição dos Dados

Foram utilizadas mensurações de características reprodutivas da base de dados do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL) de rebanhos leiteiros de animais da raça Guzerá, coordenado pela Embrapa Gado de Leite e pelo Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²). A aprovação pelo Comitê de Cuidados e Uso de Animais do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (CEUAP/DZO/UFV) não se fez necessária, pois trata-se de um conjunto de dados coletados historicamente pelo Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²).

O banco de dados dispunha de informações individuais de genealogia, data de nascimento, rebanho, data e ordem de parto, juntamente com a característica de interesse para esse estudo (com as respectivas datas de mensuração), que é a idade ao primeiro parto (IPP, em

dias). A estação de nascimento foi classificada em duas categorias: estação seca (abril a setembro) e estação chuvosa (outubro a março). O arquivo contava com 6912 animais fenotipados para idade ao primeiro parto, sendo utilizadas informações daqueles em que as observações variaram de 637 a 2364 dias, totalizando 6781 animais. O valor médio para idade ao primeiro parto foi de 1374,29 dias e desvio padrão de 307,89. As análises de consistência dos arquivos de dados para as análises posteriores foram implementadas no software R (R Project, <http://www.r-project.org>).

Os grupos de contemporâneos (GC) foram compostos por: rebanho e ano de nascimento. Foram considerados grupos de contemporâneos compostos por pelo menos 3 animais, filhos de 2 reprodutores distintos.

Análises Genéticas

As análises foram realizadas em duas etapas (Silva et al., 2014). Na primeira, a análise unicaracterística foi conduzida para estimar as soluções dos efeitos de grupos de contemporâneos (GC), utilizando o modelo animal padrão descrito em [1].

Modelo unicaracterístico – Passo 1

As análises foram executadas adotando-se o seguinte modelo unicaracterístico, via inferência Bayesiana, o qual é dado matricialmente por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e} \quad [1]$$

em que: \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas para IPP; $\boldsymbol{\beta}$ é um vetor de efeitos sistemáticos (GC e estação de nascimento); \mathbf{X} é a matriz de incidência para efeitos sistemáticos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios; \mathbf{Z} é a matriz de incidência para os efeitos genéticos aditivos; e \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais.

Para os dados amostrais de IPP foi assumida uma distribuição condicional de \mathbf{y} , dado os parâmetros, descrita por: $(\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \mathbf{e}, \sigma_a^2, \sigma_e^2) \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$.

Foram assumidas as seguintes distribuições a priori para os parâmetros do modelo apresentado em [1]:

$$\boldsymbol{\beta} \sim N(0, \boldsymbol{\Sigma}_\beta),$$

$$\mathbf{a}|\sigma_a^2 \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_a^2),$$

$$\sigma_a^2|S_a, n_a \sim \chi^{-2}(S_a, n_a),$$

$$\mathbf{e}|\sigma_e^2 \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2),$$

$$\sigma_e^2 | S_e, n_e \sim \chi^{-2}(S_e, n_e),$$

em que: Σ_β é uma matriz diagonal com valor $1e^{+10}$ (altos valores de variância), para representar uma *a priori* não informativa; σ_a^2 e σ_e^2 são os componentes de variância genética aditiva e residual, respectivamente; \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco; \mathbf{I} é uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais com observações; e χ^{-2} representa a distribuição qui-quadrado invertida, com hiperparâmetros S_a e n_a para a variância genética aditiva, e S_e e n_e para a variância residual.

A primeira etapa foi realizada sob enfoque Bayesiano, utilizando Métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Utilizou-se o programa GIBBS3F90 (MISZTAL et al., 2018), com um total de 500.000 iterações e descarte inicial de 50.000 iterações para o período de aquecimento. As amostras foram armazenadas a cada 20 ciclos ($\text{thin} = 20$), gerando um total de 22.500 amostras. As análises de convergência dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram realizadas utilizando os critérios de Geweke por meio do pacote "BOA" ("Bayesian Output Analysis") do programa R.

O primeiro passo forneceu um vetor de fenótipos corrigidos para os efeitos fixos (\mathbf{y}^*), sendo: $\mathbf{y}^* = \mathbf{y} - (\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}) = \mathbf{Z}\hat{\boldsymbol{\alpha}} + \hat{\mathbf{e}}$ e um vetor com as estimativas dos níveis dos GC, que se refere as soluções obtidas para o efeito fixo de GC. Essas variáveis foram utilizadas como variáveis dependentes e independentes no segundo passo, respectivamente. Para obtenção do \mathbf{y}^* foi utilizado o software PREDICTF90 (MISZTAL et al., 2018).

Modelo de normas de reação – Passo 2

Na segunda etapa, foi avaliada a presença da interação genótipo x ambiente (IGA), por meio da utilização de modelo de norma de reação via polinômios de Legendre, no qual as soluções para os GCs provindas da etapa anterior foram consideradas como sendo o gradiente ambiental (covariável).

Foi adotado o modelo a seguir:

$$y_{ij}^* = \mu + a_i + b_i \hat{\beta}_{GC_{ij}} + \xi_{ij} \quad [2]$$

em que: \mathbf{y}_{ij}^* é os valores fenotípicos corrigidos do animal i para o nível j dos efeitos estimados de GC ($\widehat{\beta}_{GCij}$); $\boldsymbol{\mu}$ é a média geral; \mathbf{a}_i e \mathbf{b}_i são os coeficientes aleatórios linear e angular, respectivamente, para a regressão do valor genético aditivo ($\widehat{\alpha}_i$) sobre os níveis dos j GC; e $\boldsymbol{\xi}_{ij}$ é o termo residual. A distribuição conjunta para $\mathbf{a}_i = [a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{in}]'$ e $\mathbf{b}_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{in}]'$ com $\boldsymbol{\theta} = [a_i, b_i]'$ foi dado por $\boldsymbol{\theta} \sim N(0, \Sigma_{ab} \otimes \mathbf{A})$ em que: $\Sigma_{ab} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab}^2 \\ \sigma_{ab}^2 & \sigma_b^2 \end{bmatrix}$.

Os polinômios de Legendre foram obtidos por meio do software R, utilizando o pacote "Orthopolynom". A obtenção dos componentes de (co) variância foi realizada por inferência Bayesiana, empregando-se o programa GIBBS3F90 (MISZTAL et al., 2018), com 1.000.000 iterações e descarte de 250.000 iterações iniciais, sendo as amostras armazenadas a cada 10 ciclos (thin=10), gerando um total de 75.000 amostras. As análises de convergência foram realizadas por meio da utilização do pacote "BOA" ("Bayesian Output Analysis") do programa R.

Considerou-se a existência de heterogeneidade de variância residual, dividida em quatro diferentes classes de dimensão das soluções dos GC 426-753 (0-20%), 754-836 (20-40%), 837-1137 (40-80%), 1138-1846 (80-100%). Inicialmente foi dividida em 5 classes, com base nos números de observações, ficando dessa forma 20% das observações em cada classe, aproximadamente. Porém, as classes 3 e 4 apresentaram valores de variância residual heterogênea muito similares, portanto foram consideradas 4 classes. Foram testados os dois modelos de norma de reação, utilizando 5 e 4 classes, sendo escolhido aquele que apresentou melhor ajuste, com menor valor do Critério de Informação de Deviance (DIC).

O critério de informação Deviance (DIC) foi proposto por Spiegelhalter et al. (2002) como uma generalização do critério de informação de Akaike - AIC (Akaike, 1973) para ser utilizado sob o enfoque Bayesiano. O DIC é dado por:

$$DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D \quad [3]$$

em que: $p_D = D(\bar{\theta}) - \bar{D}(\theta)$, $D(\theta) = -2 \cdot \ln L(\hat{\theta}) + V$,

$L(\hat{\theta})$ corresponde ao máximo da função de verossimilhança ao utilizar as médias a posteriori,

$D(\bar{\theta})$ consiste na média dos valores da *deviance* aplicada em cada iteração,

$\bar{D}(\theta)$ consiste no valor da *deviance* aplicada no valor médio de θ (estimador Bayesiano usual) considerando as iterações após o *burn-in*, e V é uma constante.

Os valores genéticos preditos para cada animal ao longo dos diferentes níveis do gradiente ambiental foram obtidos por:

$$\mathbf{a}_{ij} = \mathbf{K}'_j \hat{\boldsymbol{\theta}}_i = \hat{a}1_i + \hat{a}2_i W_j, \quad [4]$$

em que: $a1$ e $a2$ representam, respectivamente, o intercepto aleatório e a inclinação da regressão aleatória para o valor genético aditivo \mathbf{a} ; e W_j indica os efeitos de GC, tal como mencionado anteriormente.

As estimativas de variância genética ($\hat{\sigma}_{a_j}^2$) e a herdabilidade ($\hat{\mathbf{h}}_j^2$) para as características avaliadas nos níveis ambientais j , foram calculadas, respectivamente, por:

$$[5] \hat{\sigma}_{a_j}^2 = \mathbf{K}'_j \Sigma_{ab} \mathbf{K}_j = \hat{\sigma}_{a_j}^2 + 2\hat{\sigma}_{ab_j} \hat{\beta}_{GC_j} + \hat{\sigma}_{b_j}^2 (\hat{\beta}_{GC_j})^2,$$

em que $\mathbf{K}'_j = [1 \hat{\beta}_{GC_j}]$; $\hat{\sigma}_{a_j}^2$ é o componente de variância genética para o coeficiente linear; $\hat{\sigma}_{b_j}^2$ é o componente de variância do coeficiente angular; e σ_{ab_j} é o componente de covariância entre o coeficiente linear e angular; e [6] $\hat{\mathbf{h}}_j^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a_j}^2}{\hat{\sigma}_{a_j}^2 + \hat{\sigma}_{e_j}^2}$ em que $\hat{\sigma}_{e_j}^2$ é o componente de variância residual.

Para plotagem das normas de reação ao longo do gradiente ambiental, foram utilizadas as informações dos touros com pelo menos 10 filhas fenotipadas para idade ao primeiro parto, a fim de assegurar melhor acurácia dos resultados. Os genótipos dos animais foram classificados de acordo com o desvio padrão das inclinações em: robusto ($|b_i| < \sigma_b$), plástico ($\sigma_b \leq |b_i| < 2\sigma_b$), extremamente plástico ($|b_i| \geq 2\sigma_b$).

Foram calculadas as correlações genéticas entre os ambientes contidos no gradiente ambiental. O gradiente foi dividido em quantis, sendo eles 5%, 55% e 95% das soluções, correspondendo a ambientes de alta produtividade (5%), média produtividade (55%) e baixa produtividade (95%) conforme proposto por Zhang et al. (2019). A similaridade entre a classificação dos touros nos diferentes ambientes foi avaliada por meio da correlação de Spearman e porcentagem de animais comuns dentro da classificação *top* 10%.

RESULTADOS

O modelo que considerou 4 classes de variância residual heterogênea apresentou DIC de 9.3641,24, enquanto o modelo com 5 classes 9.3644,64. Portanto, foram consideradas 4 classes de variância residual heterogênea no modelo de norma de reação na análise.

A correlação genética entre intercepto e inclinação da norma de reação foi de alta magnitude (0,86). Esta correlação indica que a resposta genética dos animais às mudanças ambientais se dá de forma distinta, reduzindo ou aumentando o seu valor genético ao longo do gradiente ambiental.

O gradiente ambiental obtido pelas soluções dos efeitos de grupos de contemporâneos variou de 426 a 1846 . O comportamento das estimativas das variâncias e herdabilidades ao longo do gradiente estão representados nas Figuras 1 e 2, respectivamente.

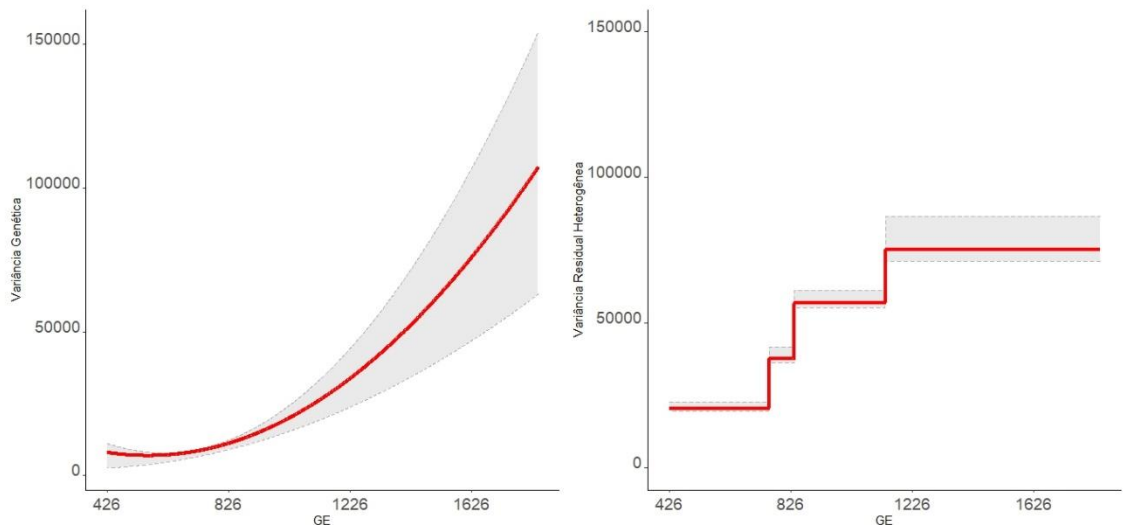


Figura 1 – Representação gráfica dos valores médios (linha vermelha) e intervalo de alta densidade (HPD) (faixa cinza) das estimativas de variância genética e variância residual heterogênea para idade ao primeiro parto em bovinos Guzerá, ao longo do gradiente ambiental (GE)

As estimativas de herdabilidade variaram ao longo do gradiente ambiental, tendo como valor médio 0,34. Os valores foram, em geral, maiores nos ambientes que a idade ao primeiro parto (em dias) foi maior.

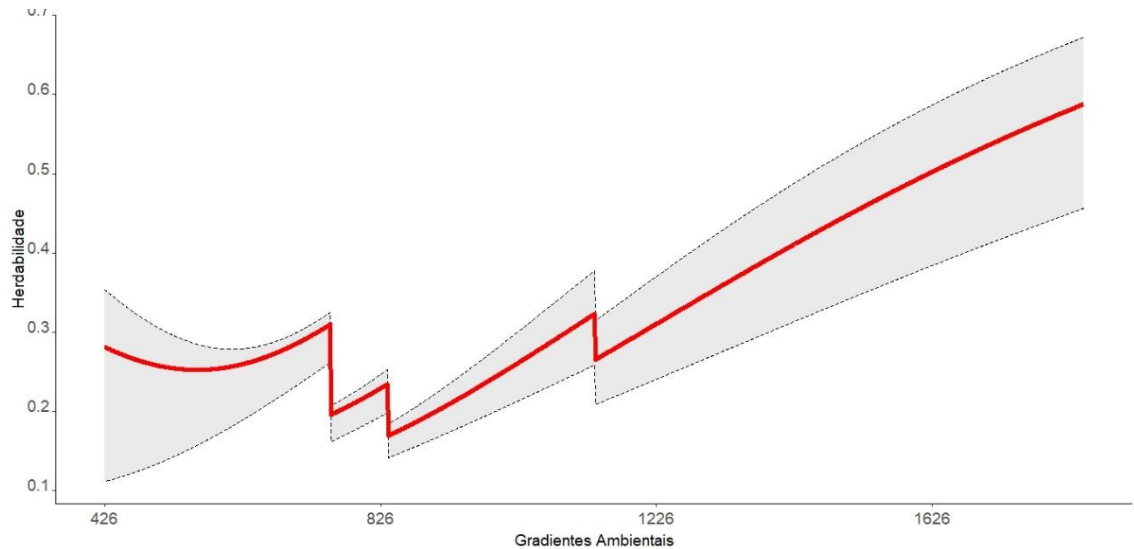


Figura 2 – Representação gráfica dos valores médios (linha vermelha) e intervalo de alta densidade (faixa cinza) (HPD) das estimativas de herdabilidade (h^2) para idade ao primeiro parto em bovinos Guzerá, ao longo do gradiente ambiental (GE)

O percentil de 5% corresponde ao ambiente de melhor desempenho com valor de 497, o de 55% é o ambiente de desempenho médio, com valor de 1207 e o de 95% sendo o ambiente de pior desempenho com valor correspondente de 1775 para o primeiro parto. As correlações genéticas entre os ambientes de médio e baixo desempenho foram de alta magnitude (0,97), entretanto, as estimativas encontradas para correlação do ambiente de alto desempenho com os demais ambientes são baixas. Os resultados encontrados sugerem a existência de interação genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto.

Na Figura 3 estão plotadas as correlações entre os três ambientes

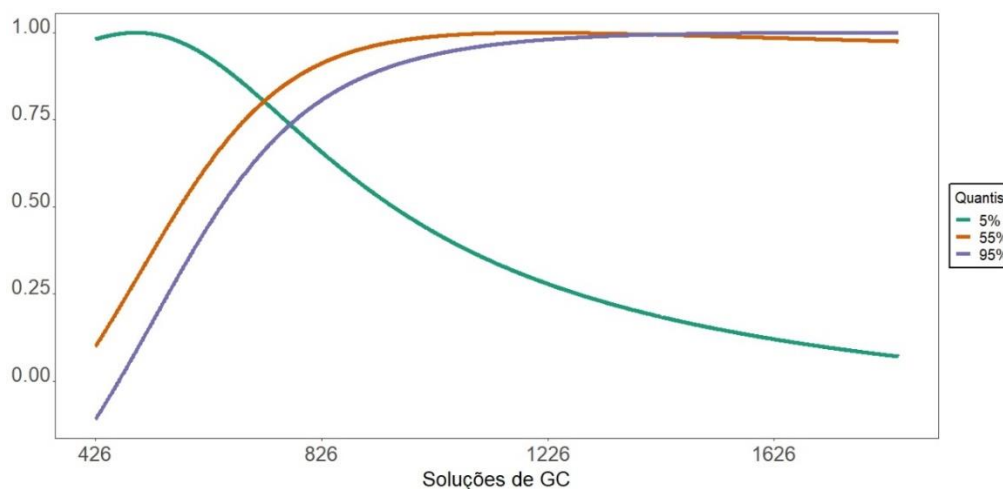


Figura 3 – Correlações genéticas entre os ambientes, representados pelos percentis de 5% (alto desempenho); 55%(médio desempenho); 95% (baixo desempenho)

O banco de dados continha informações de 753 touros, sendo 166 touros com pelo menos 10 filhas fenotipadas para idade ao primeiro parto. De acordo com os critérios aplicados, 113 touros foram classificados como animais com genótipos robustos com média de 31 filhas fenotipadas para IPP por touro, 39 plásticos com média de 25 filhas por touro e 4 extremamente plásticos com 22 filhas fenotipadas para IPP, em média, por touro. Na Figura 4 estão representadas graficamente as linhas das normas de reação dos valores genéticos dos animais de acordo com sua classificação.

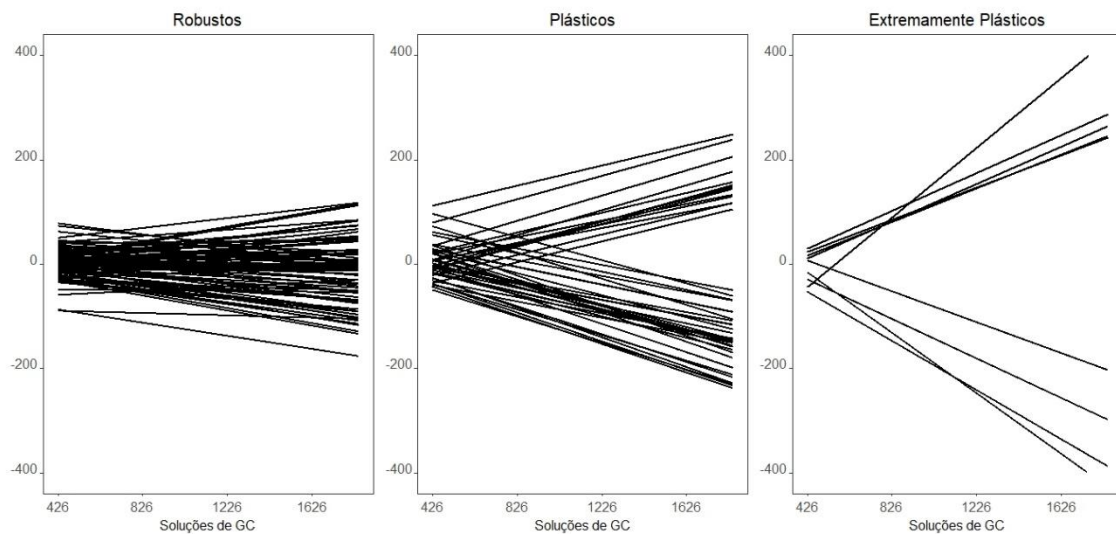


Figura 4 – Normas de reação dos valores genéticos para IPP de touros Guzerá com pelo menos 10 filhas fenotipadas para IPP, em função do gradiente ambiental

É possível observar por meio das normas de reação a existência de genótipos que respondem de forma distinta às variações ambientais. Para os animais plásticos e extremamente plásticos pode-se perceber maiores inclinações nas linhas das normas de reação.

Como o desejável é que a idade ao primeiro parto seja reduzida, os melhores animais são aqueles que possuem valores genéticos negativos para a característica. Dessa forma, dentre os touros com pelo menos 10 filhas fenotipadas para IPP, foram selecionados os animais com menores valores genéticos para IPP nos três ambientes, de alto (5%), médio (55%) e baixo desempenho (95%). Para avaliar a existência de reclassificação dos animais dentro dos três ambientes, foi realizada correlação de Spearman entre os valores genéticos dos touros com pelo menos dez filhas fenotipadas para IPP e proporção de 10% animais selecionados. As estimativas obtidas para a correlação de Spearman estão apresentadas na Tabela 1, juntamente com a porcentagem de animais comuns na classificação top 10% dentro de cada ambiente.

Tabela 1. Correlações de Spearman entre valores genéticos para IPP de touros Guzerá e top 10% touros, e porcentagem de animais comuns no top 10 % em cada ambiente

Ambientes	Todos	10%	Animais em comum ^a (%)
Melhor x Médio	0,73	0,68	76,47
Melhor x Pior	0,65	0,58	58,82
Medio x Pior	0,98	0,98	82,35

^a Porcentagem de animais em comum no *top 10 %* em cada ambiente avaliado

As correlações de Spearman e a porcentagem de animais comuns dentro do *top 10%* em cada ambiente indicam que há mudança de classificação dos touros, reforçando a existência de IGA para idade ao primeiro parto em animais da raça Guzerá.

DISCUSSÃO

Considerar quatro classes de heterogeneidade de variâncias proporcionou a obtenção de um modelo de análise melhor ajustado aos dados em estudo. Os primeiros trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória (Jamrozik & Schaeffer, 1997) consideravam a homogeneidade de variâncias para o resíduo, o que resultava em variâncias genéticas aditivas superestimadas. Ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, é possível melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. Entretanto, a utilização de classes de variância residual heterogênea pode proporcionar aumento no número de parâmetros a serem estimados, o que pode dificultar a convergência na estimação dos componentes de variância. Portanto, deve-se adotar modelos mais parcimoniosos, com estruturas de variâncias residuais distintas e menor número de classes de variâncias, resultantes do agrupamento de classes que apresentam variações semelhantes (Lewis & Brotherstone, 2002; El Faro & Albuquerque, 2003).

A correlação genética entre intercepto e inclinação da norma de reação foi de alta magnitude (0,86). Ambrosini et al. (2012) também encontraram alta correlação (0,87) ao avaliarem a existência de interação genótipo x ambiente para idade ao primeiro parto em bovinos Nelore. Altas estimativas de correlação entre o intercepto e inclinação indicam que os animais com menor intercepto tendem a responder melhor geneticamente, reduzindo seu valor genético em função das melhorias ambientais (Mota et al., 2020).

Ao analisar o comportamento das variâncias genética e residual e da herdabilidade ao longo do gradiente ambiental, é possível observar o aumento das variâncias nos ambientes com

maiores valores para IPP, ou seja, ambientes menos favoráveis. As herdabilidades também foram mais altas nos ambientes menos favoráveis. Tais resultados diferem dos encontrados por Chiaia et al. (2015), em que as estimativas das variâncias e herdabilidade apresentaram maiores valores nos ambientes menos restritivos.

Os resultados encontrados nesse estudo mostram que a medida em que os ambientes foram se mostrando menos favoráveis, houve aumento nas estimativas das variâncias genéticas obtidas pelo modelo. Estes resultados sugerem que os animais nos ambientes mais favoráveis têm valores genéticos mais semelhantes, pois a variabilidade genética é menor, diferentemente nos ambientes menos favoráveis, onde provavelmente os animais têm valores genéticos mais discrepantes por conta dos desafios a serem contornados.

O valor de herdabilidade encontrado para IPP foi maior do que as estimativas encontradas por Brito et al. (2020), em que os autores relatam valores de herdabilidade de 0,25 para IPP em bovinos Guzerá. As estimativas de herdabilidade obtidas por Silva et al. (2018) para idade ao primeiro parto, foram maiores para animais da raça Guzerá (0,32) do que para animais da raça Nelore (0,09) avaliados no mesmo estudo. Segundo os autores, alguns fatores como o menor número de animais Guzerá disponíveis no banco de dados podem ter influenciado na estimação dos parâmetros genéticos. Diante disso, ressalta-se a importância da coleta continuada e precisa de informações a fim de aumentar a acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos e, conseqüentemente, os resultados do processo de seleção e melhoramento genético.

As correlações entre os ambientes de médio e pior desempenho foram altas, dessa forma, os animais selecionados utilizando o valor genético do ambiente menos favorável podem ser utilizados no ambiente médio, e vice-versa (Ambrosini et al., 2016). Entretanto, as baixas estimativas encontradas para as correlações entre o ambiente mais favorável e os ambientes de médio e de pior desempenho indicam a existência de interação genótipo x ambiente. Portanto, avaliações genéticas realizadas que não considerem a existência da interação genótipo x ambiente podem levar à escolha equivocada de reprodutores.

Ao se levar em consideração a ampla utilização de touros como indivíduos melhoradores dos rebanhos, devido à facilidade de aquisição do material genético por meio da comercialização e utilização de sêmen em diversas regiões, foram utilizados os valores genéticos dos touros para ilustrar o comportamento ao longo do gradiente ambiental. O banco

de dados utilizado conta com o registro de 166 touros com pelo menos dez filhas fenotipadas para IPP.

Os animais foram classificados como robustos, plásticos e extremamente plásticos. Reprodutores com genótipo robusto às mudanças ambientais têm valores de inclinações (b_j) próximos a zero e valor genético relativamente constante no gradiente ambiental (X_i). Enquanto reprodutores com genótipos plásticos possuem valores de alta magnitude de b_j , ou seja, alteram substancialmente o seu desempenho ao longo do gradiente ambiental. De acordo com os critérios adotados 68,07% dos touros foram considerados robustos, 26,51% plásticos e 5,42% extremamente plásticos. Os animais robustos também tinham maior número médio de filhas por touro na população, assim como relatado por Santana Jr. et al. (2018) em estudo da variação genética na prenhez de novilhas Nelore em função do estresse térmico no período de estação de monta. Segundo os autores, mudanças na classificação do mérito genético desses animais devem ter um impacto direto no progresso genético da característica na população avaliada.

O fato de os genótipos robustos serem menos sensíveis a variações ambientais, muitas vezes é interpretado de forma equivocada, trazendo a ideia de que esses indivíduos são melhores por manterem seu valor genético mesmo em ambientes diferentes. Na Figura 4, que representa graficamente o comportamento dos valores genéticos dos animais classificados de acordo com sua robustez, pode-se observar que, embora a maioria dos animais robustos apresentem pouca variação dos valores genéticos ao longo do gradiente ambiental, existem animais positivos e negativos para IPP. No gráfico é possível observar ainda que existe uma concentração de animais robustos com valores genéticos próximos de zero, indicando que esses animais pouco vão influenciar na média da população para esta característica, evidenciando que os animais não devem ser selecionados levando em conta somente a classificação de seus genótipos quanto à sensibilidade em função do ambiente.

Na Figura 4 também estão plotadas as linhas de normas de reação para os valores genéticos dos touros plásticos e extremamente plásticos presentes no banco de dados, sendo possível observar maior inclinação das retas, indicando que esses genótipos respondem de forma significativa às variações ambientais.

O gráfico das normas de reação, aliado à alta estimativa encontrada de correlação entre o intercepto e a inclinação da norma de reação (0,86), sugere a existência de interação genótipo x ambiente do tipo escala (Su et al., 2006). A existência de interação genótipo x ambiente ressalta a importância da utilização de touros específicos para cada ambiente ou sistema de

produção, uma vez que suas progênes podem não apresentar o mesmo desempenho quando criadas em regiões diferentes. Ambrosini et al. (2016) observaram a presença de IGA com efeito de escala em animais Nelore, apresentando mudança de classificação dos animais ao longo do gradiente ambiental para idade ao primeiro parto e intervalo de partos, especialmente nos ambientes de baixo e médio manejo. Segundo os autores, a variação da inclinação das normas de reação está diretamente relacionada a importância da IGA, refletindo a sensibilidade ambiental de cada genótipo.

As estimativas das correlações de Spearman (Tabela 1) entre os valores genéticos dos touros com pelo menos 10 filhas fenotipadas para IPP variaram de 0,65 a 0,98, sendo de 0,98 a correlação entre os valores genéticos preditos nos ambientes de médio e pior desempenho. Já para os valores genéticos dos *top* 10% animais nos diferentes ambientes, as correlações de Spearman foram de 0,58 a 0,98, assumindo o mesmo comportamento, sendo a maior correlação entre os valores genéticos preditos no ambiente de médio e de pior desempenho. Tais resultados sugerem que animais selecionados no ambiente de baixo desempenho podem ser utilizados no ambiente de produtividade média, e vice e versa (Silva et al., 2019). A porcentagem de animais comuns dentro da classificação de *top* 10% animais em cada ambiente (Tabela 1) foi maior para os ambientes de médio e de pior desempenho (82,35%), seguida pela porcentagem em ambientes de melhor e de médio desempenho (76,47%), e de melhor e de pior desempenho (58,82%), indicando que existe reclassificação dos genótipos em função das diferenças ambientais.

CONCLUSÃO

De acordo com os critérios de classificação adotados, a maioria dos touros da raça Guzerá podem ser classificados como robustos à variação ambiental. No entanto, os resultados tornam evidente a existência de interação genótipo x ambiente, com mudança principalmente de escala dos animais nos diferentes ambientes de produção. A correlação genética entre diferentes ambientes evidencia que os animais devem ser selecionados para idade ao primeiro parto considerando a existência de interação genótipo x ambiente. As correlações de Spearman para os valores genéticos preditos entre os diferentes ambientes e a porcentagem de animais comuns no *top* 10% animais, sugere a existência de reclassificação de acordo com os seus valores genéticos em função das variações ambientais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. L. S. Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de crescimento em bovinos Nelore. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.51, p.177-186, 2016.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; NETO, J.B. ; 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,out. 2012

BRITO, L.C., PEIXOTO, M.G.C.D., CARRARA, SILVA, F.F., VENTURA, H.T., BRUNELI, F.A.T., LOPES, P.S. Genetic parameters for milk, growth, and reproductive traits in Guzerá cattle under tropical conditions. *Trop Anim Health Prod* 52, 2251–2257 (2020).

BRUNELI, F. A. T.; PEIXOTO, M. G. C. D.; SANTANA JUNIOR, M. L.; PEREIRA, R. J.; ARBEX, W. A.; PENNA, V. M.; ZADRA, L. E. F.; VERNEQUE, R. S.; LÔBO, R. B.; CARVALHO, M. R. S. Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite: resultados do Teste de Progênie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo MOET. *Embrapa Gado de Leite - Documentos (INFOTECA-E)*, 2021

CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. *Journal Dairy Science*, v.86, p.3756-3764.2003.

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*, v83, n.8, p. 1766-1779. 2005.

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, p.2130-2141, 2015.

CHIAIA, H.L.; DE LEMOS, M.V.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; DE OLIVEIRA, H.N.; BALDI, F. Genotype × environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nelore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. *J Anim Sci*. 2015.

EL FARO, L. Z., & ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de Modelos de Regressão Aleatória para Produção de Leite no Dia do Controle, com Diferentes Estruturas de Variâncias Residuais. R. Bras. Zootecnia. v.32, n.5, p.1104-1113, 2003.

ESPASANDIN, A. C.; URIOSTE, J. I.; CAMPOS, L. T.; ALENCAR, M. M. Genotype-country interaction for weaning weight in the Angus populations of Brazil and Uruguay. Revista Brasileira de Zootecnia, v.40, p.568-574, 2011.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. Introduction to Quantitative Genetics, ed 4. Longmans Green, Harlow, Essex, UK. 1996.

FARO, L.; PEIXOTO, M. G. C. D. Critérios de seleção para características reprodutivas de zebuínos leiteiros. In: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2013, Uberaba.

FONSECA, P.A.S.; et al. Retelling the recent evolution of genetic diversity for Guzerá: Inferences from LD decay, runs of homozygosity and N_e over the generations. Livestock Science, v.193, p.100-117, 2016.

FRATARI, M. F.; MATOS, P. F. A importância da pecuária leiteira para a agricultura familiar nas comunidades rurais de Ituiutaba (MG). Espaço em Revista, v.21, p. 138-152, 2019.

JAMROZIK, J., SCHAEFFER, L. R. 1997. Estimatives of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation. J. Dairy Science. 80:762-7

KOLMODIN, R. et al. Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms. Acta Agriculturae Scandinavica Section a-Animal Science, v.52, n.1, p.11-24, 2002.

LEWIS, R., & BROTHERSTONE, S. (2002). A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. Animal Science, 74(1), 63-70.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; MASUDA, Y.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Estados Unidos: University of Georgia, 2018. 142 p.

Mota, L. F. M., et al. "Genomic reaction norm models exploiting genotype× environment interaction on sexual precocity indicator traits in Nellore cattle." *Animal Genetics* 51.2 (2020): 210-223.

- NEPOMUCENO D.D., PIRES A.V., FERRAZ M.V.C., BIEHL M.V., GONCALVES J.R.S., MOREIRA E.M., DAY M.L. (2017) Effect of pre-partum dam supplementation, creep-feeding and post weaning feedlot on age at puberty in Nelore heifers. *Livestock Science* 195, 58–66
- FERRAZ JR M.V.C., PIRES A.V., SANTOS M.H., SILVA R.G., OLIVEIRA G.B., POLIZEL D.M., BIEHL M.V., SARTORI R., NOGUEIRA G.P. (2018) A combination of nutrition and genetics is able to reduce age at puberty in Nelore heifers to below 18 months. *Animal* 12, 569–74. 2.
- OLTENACU, P.A.; BROOM, D.M. The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows. *Animal Welfare*, v.19, p.39-49, 2010.
- PÉGOLO, N. T.; OLIVEIRA, H. N.; ALBUQUERQUE, L. G.; BEZERRA, L. A. F. ; LÔBO, R. B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. *Genetics and Molecular Biology*, v.32, n.2, p.281-287, 2009.
- PEREIRA, J.C.C. Melhoramento Genético aplicado à produção animal. Escola de Veterinária da UFMG, 5. ed. Belo Horizonte, FEPMVZ Editora, 2008.
- SANTANA JR., M. L., BIGNARD, A. B., ELER, J. P., & FERRAZ, J. B. S. Genetic variation of the weaning weight of beef cattle as a function of accumulated heat stress. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 133, 92-104, 2016.
- SILVA F.F., MULDER H.A., KNOL E.F., LOPES M.S., GUIMARAES S.E.F., LOPES P.S., MATHUR P.K., VIANA J.M.S., BASTIAANSEN J.W.M. Sire evaluation for total number born in pigs using a genomic reaction norms approach. *Journal of Animal Science* 92, 3825–34. 2014.
- SILVA, T.L.; CARNEIRO, P.L.S.; AMBROSINI, D.P.; LÔBO, R.B.; FILHO, R.M.; MALHADO, C.H.M. Genotype-environment interaction in the genetic variability analysis of reproductive traits in Nelore cattle. *Livest. Sci.* 2019.
- SILVA, T.L.; FONSECA, WÉVERTON ; SANTOS, M.R.A.; SOUZA, A.C.S.; REZENDE, M. P. G.; CARNEIRO, P. L. S.; FILHO, R. M. ; MALHADO, C.H.M. Genetic parameters and trends of age at first calving in zebu breeds in northern and northeastern Brazil. *Livestock Research for Rural Development*. 30. (2018).
- SILVEIRA, M. V. et al. Interação genótipo x ambiente sobre características produtivas e reprodutivas de fêmeas Nelore. *Arch. Zootec.* 63 (241): 223-226. 2014.

SPIEGELHALTER, D. J., BEST, N. G., CARLIN, B. P. AND VAN DER LINDE, A. (2002) Bayesian measures of model complexity and fit (with discussion). *J. R. Statist. Soc. B*, 64, 583–639

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

SU, G.; MADSEN, P.; LUND, M.S. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. *Journal of Animal Science*, v.84, p.1651-1657, 2006.

XIMENES, Luciano J F; MARTINS, Gabrimar Araújo. BOVINOCULTURA LEITEIRA: MELHORAMENTO GENÉTICOECONÔMICO. *Caderno Setorial ETENE*, [S. l.], ano 3, n. 52, p. 1-18, nov. 2018. Disponível em: https://www.bnb.gov.br/s482-dspace/bitstream/123456789/366/3/2018_CDS_52.pdf. Acesso em: 8 set. 2021.

ZHANG, Z.; KARGO, M.; LIU, A.; THOMASEN, J. R.; PAN, Y.; SU, G. Genotype-by-environment interaction of fertility traits in Danish Holstein cattle using a single-step genomic reaction norm model. *Heredity*, v.123, p.202–214, 2019