Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Estresse térmico sobre a predição de valores genéticos para características de produção e qualidade do leite de vacas Holandesas

Mayara Salvian

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestra em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e Pastagens

Piracicaba
2016

Mayara Salvian
Engenheira Agrônoma

Estresse térmico sobre a predição de valores genéticos para características de produção e qualidade do leite de vacas Holandesas

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestra em Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e Pastagens

Piracicaba
2016

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP

Salvian, Mayara
Estresse térmico sobre a predição de valores genéticos para características de produção e qualidade do leite de vacas Holandesas / Mayara Salvian. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2016.
72 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”.

1. Interação genótipo ambiente 2. Polinômios de Legendre 3. Regressão aleatória 4. Herdabilidade I. Título

CDD 636.234
S184e

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

DEDICATÓRIA

À minha família, aos meus pais Marlene Medeiros da Silva Salvian e Antonio Arquimedes Salvian (*in memoriam*) pelo carinho, amor, paciência, amizade e educação, sendo exemplos de honestidade, dedicação e respeito ao próximo.

A todos os meus familiares que me apoiaram nesta fase e aos verdadeiros amigos que fazem parte da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Ao orientador Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, pela orientação, conselhos, críticas, amizade, apoio e paciência para a realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Paulo Fernando Machado, ao Laerte, a Clínica do Leite e aos demais colaboradores da Clínica, pelo apoio e disposição em auxiliar no desenvolvimento deste trabalho.

A Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” pela oportunidade e realização da pós-graduação. Aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia, pela atenção, pelos ensinamentos e contribuições para a formação acadêmica e científica de seus alunos.

A Comissão de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos para a realização deste trabalho, contribuindo para a minha formação acadêmica.

Aos amigos do Grupo de Estudos em Estatística e Melhoramento Animal, Amanda Botelho Alvarenga, Gregori Alberto Rovadoscki, Johanna Ramírez Diaz, Juliana Petrini, Laiza Helena de Souza Iung e Simone Pértile, pelos momentos de diversão, pela amizade, pelo companheirismo, pelos ensinamentos e pela ajuda que permitiram o desenvolvimento deste trabalho.

As minhas amigas, Juliana Petrini, Liliane Severino da Silva e Mariana Falda Abdal, pela amizade, pelo carinho e companheirismo ao longo destes anos.

A toda minha família, especialmente meus pais Marlene Medeiros da Silva Salvian e Antonio Arquimedes Salvian (*in memoriam*), pela educação, pelos conselhos e apoio nos momentos difíceis, pela paciência e pelo incentivo durante toda a minha vida, contribuindo para a formação da pessoa que sou hoje.

A todos que fizeram parte, direta e indiretamente, da minha formação.

A Deus por tudo que tem realizado na minha vida.

EPÍGRAFE

“A única maneira de fazer um bom trabalho é amando o que você faz. Se você ainda não encontrou, continue procurando. Não se desespere. Assim como no amor, você saberá quando tiver encontrado”.

Steve Jobs

“Mantenha seus pensamentos positivos, porque seus pensamentos tornam-se suas palavras. Mantenha suas palavras positivas, porque suas palavras tornam-se suas atitudes. Mantenha suas atitudes positivas, porque suas atitudes tornam-se seus hábitos. Mantenha seus hábitos positivos, porque seus hábitos tornam-se seus valores. Mantenha seus valores positivos, porque seus valores… Tornam-se seu destino.”

Mahatma Gandhi

SUMÁRIO

RESUMO....11
ABSTRACT....13
1 INTRODUÇÃO....15
2 HIPÓTESES....17
3 OBJETIVOS....19
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA....21
4.1 Composição do leite bovino....21
4.2 Interação Genótipo Ambiente....22
4.3 Modelo Norma de Reação....25
4.4 Regressão aleatória....25
4.5 Interferências fisiológicas devido ao ambiente....27
4.6 Termo regulação....28
4.7 Zona de conforto....28
4.8 Índice de temperatura e umidade (THI)....30
5 MATERIAL E MÉTODOS....33
5.1 Conjunto de dados....33
5.2 Qualidade de ajuste do modelo....34
5.3 Análises Quantitativas....36
5.4 Modelo sem interação genótipo ambiente....36
5.5 Modelo com interação genótipo ambiente....37
5.6 Grau de estresse térmico (t)....38
5.7 Cálculo do índice de temperatura e umidade (THI)....38
5.8 Cálculo do valor genético (VG)....39
6 RESULTADOS E DISSCUSÃO....41
6.1 Critérios de ajustes do modelo....41
6.2 Variâncias....44
6.3 Herdabilidades....53
6.4 Interação genótipo x ambiente....57
7 CONCLUSÕES....63
REFERÊNCIAS....65

RESUMO

Estresse térmico sobre a predição de valores genéticos para características de produção e qualidade do leite de vacas Holandesas

A raça Holandesa apresenta alto rendimento na produção de leite, por isto, diversos países têm optado pela importação de sêmen para substituir as raças leiteiras locais. Esta estratégia seria eficaz se o sêmen importado fosse utilizado nas mesmas circunstâncias em que foram selecionados. Caso exista interação genótipo ambiente significativa, é esperada uma nova classificação dos touros, porém se o efeito da interação genótipo ambiente não é levada em consideração, os valores genéticos preditos (EBVs) podem ser tendenciosos, reduzindo a resposta de seleção. Diante disso, os objetivos deste trabalho foram comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, utilizando modelos de regressão aleatória e estimar os coeficientes de herdabilidade para os teores de gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado, e produção de leite. Além de estimar o valor genético dos animais, sob a interferência do estresse térmico. Foram utilizadas informações fenotípicas coletadas mensalmente ao longo da lactação e modelos com polinômios ortogonais de Legendre de primeira a sexta ordem, para verificar a interferência de estresse térmico, foram utilizadas informações de temperatura e umidade do dia de coleta. Os modelos que melhor se ajustaram foram os de primeira e segunda ordem. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,02 a 0,52 para teor de gordura; de 0,03 a 0,63 para teor de proteína; de 0,05 a 0,63 para ácido graxo saturado; de 0,019 a 0,364 para ácido graxo insaturado e de 0,133 a 0,390 para produção de leite nos diferentes modelos estudados. As estimativas de valores genéticos variaram de -0,5 a 0,5 em ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico para o teor de gordura; de -0,4 a 0,4 para ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico para o teor de proteína; de -0,3 a 0,3 em ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico para ácido graxo saturado; de -0,1 a 0,1 em ambiente sem estresse térmico e de -0,1 a 0,1 em ambiente com estresse térmico para ácido graxo insaturado e de -6 a 6 em ambiente sem estresse térmico e de -2 e 2 em ambiente com estresse térmico para produção de leite. De acordo com os resultados, as herdabilidades indicam que o teor de gordura, proteína, ácido graxo saturado produção de leite podem ser utilizados como critério de seleção. Com o uso de informações de temperatura e umidade do ar, foi possível verificar a presença de interação genótipo ambiente para teor de gordura, proteína, ácido graxo saturado e produção de leite aos 205 dias em lactação.

Palavras-chave: Interação genótipo ambiente; Polinômios de Legendre; Regressão aleatória; Herdabilidade

ABSTRACT

Heat stress on breeding value prediction for production traits and milk quality of Holstein cows

Due to the high milk production of Holstein cattle, many countries have chosen to import semen to replace local dairy breeds. This strategy would be effective if these semen was used in the same circumstances in which they were selected. However, if there is significant genotype environment interaction, it is expected a new bulls ranking, but if the effect of genotype environment interaction is not considered, the estimated breeding values (EBVs) may be tendentious, reducing the selection response. The objectives of this study were estimate breeding value under heat stress and heritability coefficients, and also to compare models of different adjustment orders through Legendre polynomials, using random regression models for fat, protein, saturated fatty acid, unsaturated fatty acid and milk production. There were used phenotypic information collected monthly through the lactation period and Legendre orthogonal polynomials models from the first to sixth order. To verify the interference of heat stress, there was used temperature and humidity information on the day of the evaluation was performed. The first and second order models were the ones that better fitted. Heritability estimates were from 0.02 to 0.52 for fat; 0.03 to 0.63 for protein; 0.05 to 0.63 for saturated fatty acid; 0.019 to 0.364 for unsaturated fatty acid and 0.133 to 0.390 for milk production on the different models tested. Estimates of the genetic value were from -0.5 to 0.5 on environment without heat stress and -0.2 to 0.2 on environment with heat stress for fat; -0.4 to 0.4 on environment without heat stress and -0.2 to 0.2 on environment with heat stress for protein; -0.3 to 0.3 on environment without heat stress and -0.2 to 0.2 on environment with heat stress for saturated fatty acid; -0.1 to 0.1 on environment without heat stress and of -0.8 to 0.8 on environment with heat stress for unsaturated fatty acid; -6 to 6 on environment without heat stress and -2 to 2 on environment with heat stress for milk production. The heritability indicates that the fat, protein, saturated fatty acid and milk production can be used as selection criteria. With the use of temperature and humidity information, it was possible to verify the presence of genotype environment interaction for fat, protein, saturated fatty acid and milk production at 205 days in milk.

Keywords: Genotype environment interaction; Legendre polynomials; Random regression; Heritability

1 INTRODUÇÃO

Em países desenvolvidos economicamente, a pecuária leiteira apresenta índices elevados de produtividade devido a atuações nas áreas de manejo, nutrição, sanidade e genética dos animais, promovendo um retorno financeiro significativo para a indústria e criadores. Assim, visando a maior produtividade, os países tropicais em desenvolvimento, vêm sendo incentivados a utilizar material genético de animais superiores, por meio da importação de sêmen e novilhas para substituir raças locais.

No entanto, esta estratégia seria eficaz se a produção de leite e os objetivos de seleção fossem os mesmos nos diferentes ambientes. Neste caso, as progênies dos animais selecionados em ambientes de clima temperado apresentarão outros resultados de desempenho no clima tropical, devido não somente a mudança climática, mas também às doenças, ao manejo e a qualidade do alimento fornecido (COSTA et al., 2000; HAMMAMI et al., 2008).

A utilização de informações pré-processadas para avaliação genética internacional de bovino leiteiro impõe várias restrições sobre o método de análise, pois se os valores genéticos nacionais dos touros são utilizados é necessário incluir no modelo a unidade de avaliação genética nacional. O desempenho nos países vizinhos com ambientes de produção similares não pode ser tratado como características genéticamente idênticas, e a possível interação entre o genótipo e o ambiente dentro do país não pode ser utilizado. As correlações genéticas entre países não dependem apenas de interação genótipo-ambiente, mas também das diferenças entre os sistemas nacionais de avaliação (FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003).

O melhoramento animal em bovino leiteiro é utilizado para otimizar diferentes fatores e características, como a produção e qualidade do leite, assim como, a saúde da vaca, visando ao aumento na produção e consequentemente, retorno econômico (GLATZ et al., 2009). De acordo com Schennink et al. (2007) e Soyeurt et al. (2007), a composição dos ácidos graxos do leite é determinada geneticamente, indicando que o cruzamento seletivo pode ser um meio eficaz para alterar a composição da gordura do leite. Deste modo, a seleção de animais superiores com

características desejadas e adaptados às necessidades locais, permitirá o aumento da produtividade e a criação de um produto adequado ao mercado consumidor, resultando no aumento da lucratividade na atividade leiteira.

2 HIPÓTESES

a) Existem diferenças entre as ordens dos polinômios ajustados para a regressão aleatória.

b) Existe interferência no ambiente na predição dos valores genéticos para os teores de gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado, e produção de leite em vacas da raça Holandesa.

3 OBJETIVOS

a) Comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, utilizando modelos de regressão aleatória para teores de gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado, e produção de leite.

b) Estimar os coeficientes de herdabilidade para teores de gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado, e produção de leite.

c) Estimar o valor genético dos animais sob a interferência do estresse térmico.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 Composição do leite bovino

O Brasil é o quinto maior produtor mundial de leite, com um total de 35,17 bilhões de litros produzidos e produtividade por animal de 1,525 litros de leite em 2014. No entanto, a produtividade nacional é baixa em relação a países com elevada produtividade, como Estados Unidos, Índia e China (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2014). Os preços e custos dos componentes do leite determinam seu valor econômico, o qual é necessário para a elaboração de índices de seleção, cujo objetivo é maximizar o ganho genético econômico (HAZEL, 1943).

O leite contém em média 87,3% de água, 4,2% de gordura, 4,6% de lactose, 3,25% de proteína e 0,6% substâncias minerais. Tal composição determina as propriedades tecnológicas de diversos produtos lácteos, como queijo, manteiga, iogurtes e entre outros (CLAYES et al., 2002; GLANTZ et al., 2009). Alguns estudos verificam a relação entre o polimorfismo genético associado a proteínas do leite e propriedades de coagulação do leite (WEDHOLM et al., 2006; HALLÉN et al., 2007) com rendimento de queijo (WEDHOLM et al., 2006), indicando que as variações genéticas destas proteína do leite afetam as propriedades de fabricação do queijo.

A gordura do leite é composta principalmente por triglicerídeos, os quais contém aproximadamente 70% de ácidos graxos saturados, principalmente o ácido mirístico (C14:0) e o ácido palmítico (C16:0), 25% de ácidos graxos monoinsaturados e 5% de ácidos graxos poliinsaturados (KEYS et al., 1965; SCHENNINK et al., 2008). Alguns destes ácidos graxos são apontados como precursores do colesterol sanguíneo de baixa densidade (LDL), responsável por doenças cardiovasculares (PARODI, 1999).

Com o intuito de reduzir a incidência de doenças coronarianas, com o aumento do colesterol de alta densidade (HDL), é interessante aumentar a porção de ácidos graxos de cadeia longa, mono e poliinsaturados, na composição da gordura do leite (DEMEYER; DOREAU, 1999). Deste modo, a composição lipídica do leite bovino mais favorável à saúde humana corresponderia a 30% de ácidos graxos saturados, 60% de ácidos graxos monoinsaturados e 10% de ácidos graxos poliinsaturados (HAYES & KHOSLA, 1992; PASCAL, 1996).

De acordo com Bobe et al. (2008) os ácidos graxos sintetizados pelas glândulas mamárias possuem uma significativa variação genética e, portanto, tem o potencial de alteração por seleção, em relação aos ácidos graxos derivados da alimentação do animal. Com isso, mudanças direcionadas para estas características podem ser úteis no melhoramento genético da qualidade nutricional do leite para o consumo humano.

4.2 Interação Genótipo Ambiente

A raça Holandesa apresenta alto rendimento para produção de leite, por isto, vários produtores em diversos países têm optado pela importação de sêmen para substituir as raças leiteiras locais. No entanto, esta estratégia seria eficaz se o sêmen importado fosse utilizado nas mesmas circunstâncias em que foram selecionados.

As características de um animal, tais como, produção, fertilidade e saúde, são provenientes de três fatores, as características fenotípicas, os genótipos e as condições ambientais, nas quais este animal se encontra (WINDIG et al., 2011). Portanto, para o melhoramento genético o fenótipo de um animal pode ser descrito pela seguinte expressão (eq. 1):

$$P = G + E + GxE \quad (1)$$

Em que: P é o fenótipo do animal; G é o genótipo do animal; E é o ambiente em que o animal se encontra; GxE é a interação entre o genótipo e o ambiente.

Uma única característica pode ser afetada de várias formas possíveis, quando examinada entre dois genótipos e dois ambientes. Primeiro, a expressão da característica pode ser afetada pelo genótipo, mas não pelo ambiente. Em segundo, a expressão da característica pode ser afetada pelo ambiente, mas de forma idêntica entre os genótipos. Em terceiro, a expressão da característica pode mudar tanto nos genótipos como nos ambientes, neste caso, a natureza desta mudança é proveniente da variância aditiva. No entanto, muitas vezes, o ambiente afeta o genótipo de uma forma complexa, não sendo um efeito aditivo com o genótipo, tal resposta fenotípica específica é denominada interação genótipo ambiente (GRISHKEVICH; YANAI, 2013).

Banos e Smith (1991) relataram que o genótipo desfavorável a interação genótipo ambiente reduziria os benefícios de uma estratégia baseada na importação de sêmen. Payne e Hodges (1997) também relataram que pode haver prejuízos para o produtor, caso a interação genótipo ambiente seja ignorada, principalmente quando o sêmen é importado, pois em muitos casos, o ambiente de produção de países exportadores é diferente em países importadores. Além disso, as avaliações internacionais de touro revelam que há baixas correlações entre países que utilizam o sistema de produção a pasto e país que utilizam um sistema de produção mais industrializado, como é o caso da Nova Zelândia e dos Estados Unidos (STRANDBERG et al., 2009).

Isto posto, a interação genótipo ambiente é definida como a resposta de diferentes genótipos a mudanças no ambiente (LYNCH & WALSH, 1997). Quando medidos em diferentes ambientes, alguns genótipos podem apresentar maior efeito em relação a outros ou pode ocorrer uma alteração na ordem de mérito de um conjunto de genótipos (FALCONER, 1987).

De acordo com Pani (1971), a interação GxE pode ser classificada em quatro tipos (Figura 1):

Tipo I. O comportamento dos genótipos é similar em ambientes diferentes, assim, não há interação.

Tipo II. Os genótipos sofrem alteração na classificação (rank) em diferentes ambientes, assim, apesar de haver interação, ela não é significativa.

Tipo III. O desempenho dos genótipos apresenta diferenças em ambientes diversos, porém, não sofrem alterações na classificação, assim, a interação é considerada significativa.

Tipo IV. A classificação dos genótipos sofre alterações em diferentes ambientes, neste caso a interação é significativa (LOPES et al., 2008).

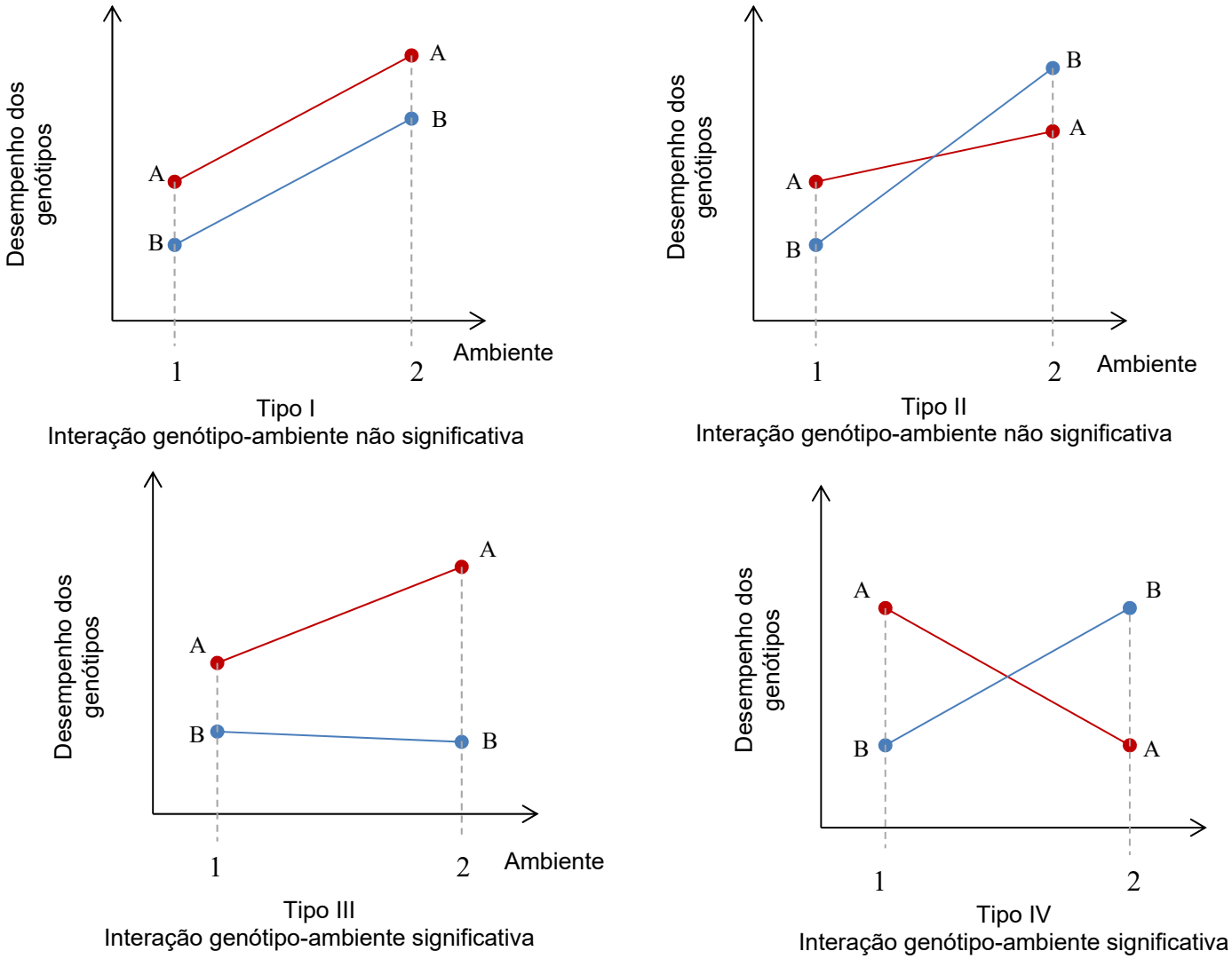

Figura 1 - Tipos de interação genótipo ambiente

Caso exista interação genótipo ambiente significativa, é esperada uma nova classificação dos touros, porém se o efeito da interação genótipo ambiente não é levada em consideração, os valores genéticos preditos (EBVs) podem ser tendenciosos, reduzindo a resposta de seleção. Em ambientes cuja mudança é gradual e pode ser medida em uma escala contínua, é apropriado o uso de normas de reação para analisar as interações genótipo ambiente, pois menos parâmetros têm que ser estimados, não havendo a necessidade de agrupar os indivíduos em diferentes classes ambientais. Em bovinos leiteiros a análise de interação genótipo ambiente tem sido utilizadas por diversos autores (BOHMANOVA et al., 2008; FIKSE; REKAYA; WEIGEL, 2003; HAYES et al., 2003; CALUS; GROEN; DE JONG, 2002, KOLMODIN et al., 2002; STRANDBERG et al., 2009; LILLEHAMMER et al., 2009), em que o nível de produção médio do rebanho serviu como descritor

ambiental contínuo e as normas de reação foram estimadas por meio de modelos de regressão aleatória (STREIT et al., 2012; WINDIG et al., 2011).

4.3 Modelo Norma de Reação

No modelo de norma de reação, o fenótipo é modelado como uma função do ambiente no qual o fenótipo é produzido. Assim, as herdabilidades, variâncias e correlações genéticas podem ser estimadas para os parâmetros que descrevem a função. A inclinação da norma de reação é uma medida de sensibilidade ambiental e, portanto, indivíduos com acentuado declive são considerados indivíduos sensíveis ao ambiente, confirmando a presença de interação genótipo-ambiente quando a variação desta inclinação difere de zero (STREIT et al., 2013; WINDIG et al., 2011).

Neste modelo, os ambientes não são classificados em grupos, deste modo os fenótipos irão mudar gradualmente e de forma contínua ao longo de um gradiente ambiental, sendo o nível de produção do rebanho considerado uma variável contínua, os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados para descrever o valor genético como uma função do nível de produção do rebanho e consequentemente, desempenho dos genótipos em cada ambiente (LILLEHAMMER et al., 2007; KOLMODIN et al., 2002).

4.4 Regressão aleatória

Em bovinos leiteiros, as características relacionadas à produção de leite são mensuradas em intervalos pré-definidos ao longo da lactação, caracterizando as chamadas medidas repetidas no tempo. Essas mensurações podem ser analisadas utilizando os modelos de regressão aleatória, os quais utilizam funções lineares contínuas para descrever os efeitos fixos e os efeitos aleatórios (BIGNARDI et al., 2009), tornando-se uma alternativa para estimar os parâmetros genéticos e componentes de variância em diferentes pontos ao longo da lactação. Diferentemente dos modelos multivariados que permitem calcular os valores genéticos somente nos pontos em que a característica desejada tenha sido medida (BEDOYA et al., 2014; CORRALES; MUNILLA, 2015).

Os modelos de regressão aleatória foram desenvolvidos inicialmente por Henderson (1982), porém foram Schaeffer e Dekkers (1994) que sugeriram o uso

destes modelos no melhoramento genético de bovinos leiteiros, utilizando dados de produção de leite no dia de controle. Neste caso a curva de lactação possui uma parte fixa, que representa a curva média da lactação e uma parte aleatória, que representa os desvios em relação à curva média (POOL; MEUWISSEN, 2000).

Os polinômios ortogonais de Legendre (PL) são comumente utilizados para modelar a estrutura de covariância entre os coeficientes de regressão aleatória para registros do dia de teste do rebanho (CORRALES; MUNILLA, 2015). Polinômios de ordem superior podem apresentar um bom ajuste, porém, um maior número de parâmetros deve ser estimado, podendo resultar em estimativas de variância e parâmetros genéticos incorretos para a curva da lactação (FLORES; VAN DER WERF, 2015).

É necessário utilizar a ordem correta do polinômio para que os efeitos ambientais e genéticos sejam estimados corretamente. Diferentes critérios podem ser empregados para encontrar a ordem polinomial que melhor se ajusta ao modelo de estudo. Os critérios mais utilizados são o Critério de Informação de Akaike (AIC; AKAIKE, 1974) e o Critério de Informação Bayesiano de Schwar (BIC; SCHWARZ, 1978).

Pool et al. (2000) concluíram que o polinômio de ordem 4 foi o que melhor descreveu as variações genéticas e de ambiente permanente para os modelos de regressão aleatória. De acordo com Corrales et al. (2015) características relacionadas à produção de leite utilizam normalmente polinômios que variam da ordem três até a cinco, sendo que polinômios com ordem inferior a três não são adequados para ajustar curvas de lactação em modelos de regressão aleatória.

Entretanto, Bignardi et al. (2009) concluíram que polinômios de ordem 6 e 7 são suficientes para ajustar curvas de lactação em modelos de regressão aleatória. Assim como, Biassus et al. (2010), concluíram que os polinômios de quinta e sexta ordem são adequados para avaliações genéticas para produção de proteína e gordura do leite para vacas da raça Holandesa.

Dentre as vantagens da utilização dos modelos de regressão aleatória, destacam-se: a possibilidade de ajuste das curvas de lactação para cada indivíduo (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; SOUSA et al., 2014; JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997); ajuste mais preciso para efeitos ambientais temporários no dia de teste, para vacas de descarte e para as vacas que ainda estão em lactação; possibilidade de realizar avaliação genética para persistência da lactação (JENSEN, 2001); permite

que os animais sejam analisados com um ou mais números de registros durante a lactação (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997); não requer pressupostos rigorosos sobre a constância de variâncias e correlações (MEYER, 2000).

A principal desvantagem é a exigência computacional, pois o volume dos dados a serem analisados é maior em relação aos modelos tradicionais utilizados (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997; JENSEN, 2001). Porém, com o surgimento de novas tecnologias e consequentemente de computadores mais poderosos, esta desvantagem será logo superada.

4.5 Interferências fisiológicas devido ao ambiente

O ambiente é um dos principais fatores que limita a eficiência da produção animal. As crescentes perdas de produção devido à alta temperatura ambiental são preocupantes tanto para países de clima tropical, como para países de clima temperado. Com o aumento da temperatura global ao longo dos anos, os efeitos negativos do estresse térmico sobre a pecuária será mais evidente no futuro, principalmente devido ao aumento populacional e consequente necessidade de aumentar a produção de alimentos em uma área produtiva cada vez mais restrita (RENAUDEAU et al., 2012).

Nas regiões tropicais, o processo de seleção natural favoreceu o surgimento de raças com uma alta capacidade de lidar com o estresse térmico. A tolerância ao calor das raças tropicais geralmente está relacionada a seu pequeno porte, ao nível de baixa produção e a algumas características morfológicas especiais, como características da pele, capacidade de transpiração e isolamento de tecidos em comparação com as principais raças comerciais (HANSEN, 2004).

A identificação de indivíduos bem adaptados dentro das raças existentes pode ser uma solução alternativa, por meio da identificação de fenótipos que irão atender às especificações do mercado dentro de uma raça de tolerância a calor ou da seleção de animais tolerantes ao calor dentro de raças que atualmente atendem às especificações do mercado (GAUGHAN et al., 2009). Estudos de simulação em bovinos leiteiros (NARDONE; VALENTINI, 2000) sugerem que seria mais rápido selecionar raças comerciais para melhor adaptação ao invés de selecionar raças localmente adaptadas para os níveis de produção mais elevados. No entanto, estas

conclusões poderiam ser diferentes conforme a espécie ou estágio fisiológico do animal.

4.6 Termo regulação

A termo regulação é um mecanismo de equilíbrio fisiológico entre a produção e a perda de calor para a manutenção de uma temperatura corporal constante. As trocas de calor realizadas pelos animais podem ser mensuradas diretamente a partir de parâmetros fisiológicos, como temperatura retal, temperatura de cloaca e da pele, frequência respiratória ou indiretamente por meio do desempenho animal, como taxa de crescimento, produção de ovo e produção de leite que estão relacionados com a capacidade do animal em lidar de forma eficiente em condições quente. As respostas termo regulatórias que ocorrem durante a vida do animal, incluem redução da taxa metabólica, mudanças no sistema cardiovascular, alteração na perda eficiente de calor e alterações no comportamento, além da redução no desempenho (RENAUDEAU et al., 2012).

4.7 Zona de conforto

A zona de conforto térmico ou zona termo neutra representa o intervalo de temperatura ambiente na qual a taxa metabólica é mínima e a regulação da temperatura é atingida por processos físicos de evaporação. Esta zona é limitada pela temperatura crítica inferior (LCT) e pela temperatura crítica superior (UCT) (Figura 2). Para bovinos leiteiros da raça Holandesa a zona de conforto térmico é entre 0°C e 16°C (YOUSEF, 1985).

A LCT é a temperatura ambiental mínima de conforto térmico animal. De acordo com Hamada (1971), a estimativa de LCT para vacas leiteiras varia entre -16°C e -37°C (KADZERE et al., 2002). Deste modo, ao ser exposto a temperaturas abaixo deste valor o animal entra em estresse térmico devido ao frio, apresentando tremores corporais. Para aumentar a produção de calor e manter o equilíbrio térmico, a taxa metabólica do animal aumenta, assim como o consumo de alimento.

A UCT é definida como a temperatura ambiente máxima de conforto térmico, portanto, o animal começa a sofrer estresse devido ao calor. De acordo com Berman et al. (1985), em vacas leiteiras a UCT é em torno de 26°C. Temperaturas superiores

a este valor promovem a ativação de processos de perda de calor, como evaporação e redução na ingestão de alimentos, para que a produção interna de calor seja menor (YOUSEF, 1985). Além da evaporação, os animais também podem dissipar calor para o ambiente por convecção, condução e radiação. Em bovinos leiteiros o aumento da temperatura corporal influencia negativamente no desempenho, reduzindo a produção e a composição do leite.

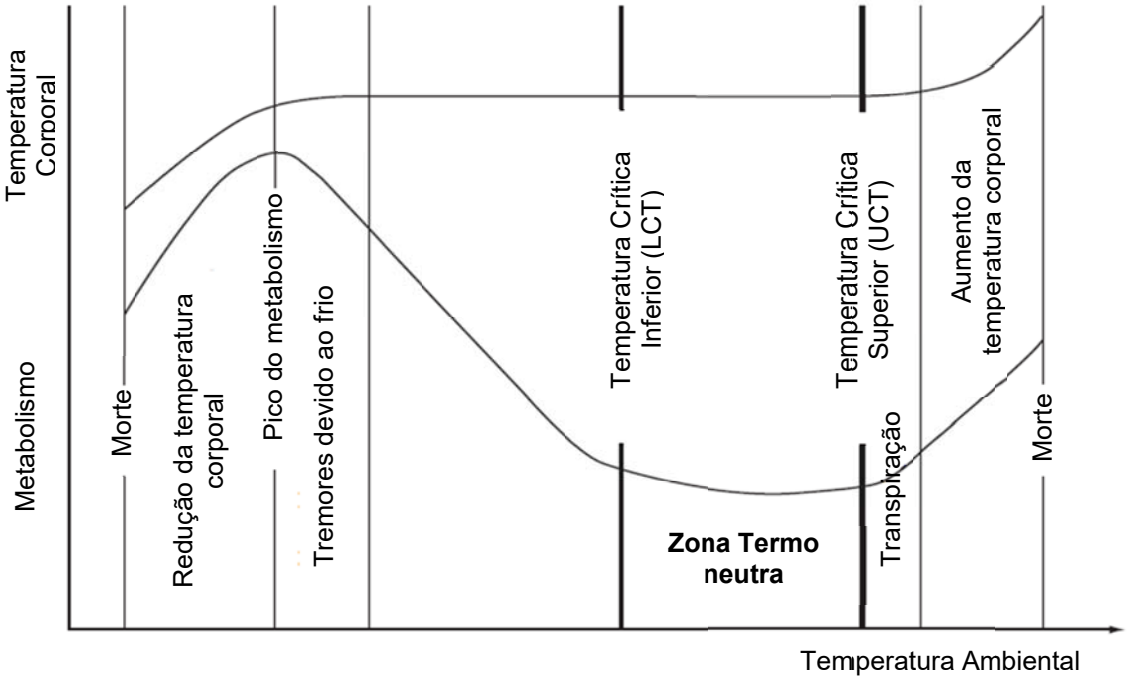

Figura 2 - Efeito da temperatura do ambiente na temperatura corporal e no metabolismo animal (RENAUDEAU et al., 2012)

A produção e a reprodução de bovinos leiteiros são afetadas pelo estresse térmico. Em condições de elevadas temperaturas pode ocorrer uma perda considerável de potássio (K) por sudorese, resultando em uma deficiência deste mineral no organismo, com consequências prejudiciais para a saúde e desempenho do animal, visto que a necessidade de K, para a síntese de leite é alta (BEEDE; COLLIER, 1986; AGUILAR; MISZTAL; TSURUTA, 2009). Gaughan et al. (2009) relataram que durante períodos de estresse térmico, houve um aumento na ocorrência de mastite em vacas leiteiras, sugerindo que as condições de calor podem favorecer o desenvolvimento de agentes patogénicos responsáveis pela mastite ou ter efeitos negativos sobre a resposta imune dos animais. Além disso, de

acordo com Hammami et al. (2015), o aumento da temperatura corporal em períodos com estresse térmico poderá ter efeito na síntese de gordura pela glândula mamária.

Na produção de leite o efeito do estresse térmico é máximo entre 24 e 48 horas após o animal sofrer o estresse térmico (COLLIER et al., 1981), sendo que as condições climáticas do ambiente, dois dias antes da medição da produção de leite, apresentaram uma maior correlação com a diminuição da produção de leite e consumo de matéria seca.

Alterações físicas no ambiente como o uso de ventiladores ou o aumento de áreas sombreadas, auxiliam no controle do estrese térmico. Além disso, vários índices derivados de medições meteorológicas têm sido desenvolvidos, dentre eles o índice de temperatura e umidade (THI), o qual foi inicialmente desenvolvido por Thom (1959) como um índice de calor para o conforto humano.

4.8 Índice de temperatura e umidade (THI)

O THI é um índice empírico que utiliza informações meteorológicas que serão utilizadas nas análises de estresse térmico relacionadas ao desempenho animal. Misztal (1999) propôs um modelo para estudar o componente genético do estresse térmico no gado leiteiro usando dados de desempenho e informações meteorológicas. A variabilidade genética aditiva para tolerância ao calor mostrou ser importante para a produção de leite, gordura e proteína de leite das vacas primíparas.

Ravagnolo et al. (2000) introduziram um método para analisar o estresse térmico no dia de teste utilizando informações de estações meteorológicas. Deste modo, diminuições do desempenho foram consideradas como sendo uma função de um índice de temperatura e umidade (THI). Estudos feitos por Ravagnolo et al. (2000) e Ravagnolo e Misztal (2000) revelaram que os animais selecionados em climas frios sofreram estresse térmico em temperaturas entre 19 e 21°C considerando a umidade relativa do ar 100%.

Bohmanova et al. (2005) desenvolveram uma avaliação genética para tolerância ao calor para vacas primíparas da raça Holandesa baseadas em dados meteorológicos. Os valores estimados de reprodução foram calculados para aproximadamente 10 milhões de animais por meio de regressão aleatória sobre THI. O estudo verificou que as filhas dos touros com alto mérito genético para tolerância

ao calor apresentaram maiores teores de sólidos do leite, organismos mais robustos, melhores úberes e taxa de prenhez mais elevadas.

A tolerância ao calor tem um componente genético substancial e que a correlação entre o leite rendimento sob temperaturas e taxa de declínio de rendimento sob alta THI leves é de cerca de -0,4 (MISZTAL et al., 2006). De acordo com Amundson et al. (2006), a redução na taxa de prenhez é notada quando THI é superior a 72,9. Devido à sua elevada taxa metabólica associada com a produção de leite, as vacas leiteiras de alta produção são mais vulneráveis ao estresse térmico.

Hayes et al. (2009), com o objetivo de encontrar marcadores genéticos, para selecionar animais adaptados a alimentação a pasto e a condições ambientais adequadas, combinaram informações de produção de leite e de dados climáticos de diversos ambientes na Austrália, com polimorfismos (SNP) no genoma de touros leiteiros, possibilitando o estudo de análise de associação genômica (GWAS) para sensibilidade da produção de leite para os parâmetros ambientais. Os autores utilizaram dados de produção diária média de leite, temperatura e umidade para cada dia de controle para calcular o índice de umidade e temperatura (THI) como medida de estresse térmico no dia da ordenha. Neste estudo, a partir de um modelo de regressão aleatória, foi possivel obter a sensibilidade da produção de leite para mudanças em THI, encontrando um SNP localizado no cromossomo BTA29 na posição 48329079 pb, associado com a sensibilidade da produção de leite para THI.

Para o melhoramento genético animal, o uso de THI em estudos de interação genótipo ambiente torna-se importante, pois os animais serão selecionados conforme o ambiente de produção, melhorando assim, as características de qualidade do leite e da saúde da vaca, além do aumento da produção e consequentemente do rendimento econômico.

5 MATERIAL E MÉTODOS

5.1 Conjunto de dados

As informações fenotípicas são resultantes de amostras mensais coletadas ao longo da lactação, entre os anos de 2013 e 2014, de fazendas provenientes do Estado de São Paulo; caracterizadas pela produção de leite com vacas confinadas, com uso de inseminação artificial no manejo reprodutivo e ordenha mecânica. Os dados fenotípicos provenientes das fazendas foram obtidos em colaboração com a Clínica do Leite, pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo (LZT-ESALQ/USP).

De acordo com a classificação climática de Köeppen, as fazendas apresentam tipo climático Cwa, caracterizado pelo clima tropical, com chuva no verão, inverno seco e temperatura média do mês mais quente superior a 22°C (CENTRO DE PESQUISAS METEOROLÓGICAS E CLIMÁTICAS APLICADAS À AGRICULTURA – CEPAGRI, 2016). Para verificar a interferência do ambiente na produção dos animais, foram utilizadas informações de temperatura e umidade utilizadas provenientes de mensurações realizadas por estações meteorológicas próximas às fazendas.

Ao final da coleta de informações, o banco de dados foi composto pelas informações de identificação do animal, rebanho, estação de parto, genealogia, grupos de contemporâneo (GC), dias em lactação (DEL), idade da vaca e números de lactações (variando entre um e seis), além das características referentes à produção e qualidade de leite, como teores de gordura e proteína e frações de ácidos graxos saturados e insaturados, referentes à cerca de 2.000 vacas da raça Holandesa. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados pela estação de parto (abril a setembro – estação seca; outubro a março – estação das águas), pelo ano de parto, pelo rebanho e pelo mês da coleta da amostra de leite, formando um total de 156 grupos de contemporâneos.

As mensurações dos componentes do leite, expressas em gramas por 100 gramas de leite, foram obtidas por meio de espectrometria de infravermelho médio (Delta Instruments CombiScope^{TM} Filter, Advanced Instruments, Inc., Norwood, EUA) para determinação dos teores de ácidos graxos saturados (SAT – g/100g de leite) e insaturados (INSAT – g/100g de leite), além do teor de gordura (GOR –

g/100g de leite) e proteína (PROT – g/100g de leite). Os valores discrepantes, identificados por apresentarem valores maiores ou menores a três desvios-padrão, foram excluídos do banco de dados (Tabela 2).

Tabela 2 - Número de observações (N), média, desvio padrão, mínimo e máximo para as características de produção de leite (PROD - kg), teor de gordura (GOR – g/100g de leite), teor de proteína (PROT – g/100g de leite), teor de ácidos graxos saturados (SAT – g/100g de leite) e insaturados (INSAT – g/100g de leite)

Característica	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
PROD	5946	29,19	9,26	5,00	55,50
GOR	11135	3,50	0,74	0,81	6,93
PROT	11142	3,02	0,29	2,23	4,21
SAT	9809	2,27	0,45	0,90	3,50
INSAT	9731	1,03	0,27	0,30	1,80

5.2 Qualidade de ajuste do modelo

Inicialmente a variância residual foi considerada heterogênea, porém após dividir os dias em lactação em três classes (de 5 a 100 dias, de 101 a 200 dias e de 201 a 305 dias) não se verificou a heterogeneidade das variâncias, deste modo, variância residual foi considerada homogênea, assim como constatado, nos trabalhos de Biassus et al. (2010) e Costa et al. (2008).

A matriz de relacionamento foi formada por 2.022 animais, 200 touros e 1.722 vacas. O processo de edição e análise do banco de dados fenotípicos foi realizado por meio do software estatístico SAS® 9.3 (*Statistical Analysis System*).

Os componentes de variância foram obtidos por meio de modelos de regressão aleatória (MRA), sob modelo animal, com o uso do software WOMBAT (MEYER, 2006). As funções de covariância foram estimadas para os componentes genéticos e aditivos de ambiente permanente utilizando polinômios ortogonais de Legendre.

Polinômios ortogonais de Legendre de primeira até sexta ordem (Leg1, Leg2, Leg3, Leg4, Leg5, Leg6) foram utilizados para o ajuste das regressões aleatórias (Tabela 3). O estágio de lactação (w) foi padronizado conforme a seguinte equação (GROENEVELD; KOVAC; MIELENZ, 2008):

$$w = \frac{2\times(DEL - t_{\text{mín}})}{(t_{máx} - t_{mín})} - 1 \quad (2)$$

Em que: DEL corresponde aos dias em lactação e $t_{mín}$ e $t_{máx}$ correspondem aos dias mínimos e máximos de lactação, respectivamente, podendo variar de 5 a 305 dias.

Tabela 3 - Funções polinomiais de Legendre

Ordem do polinômio	Expressões
1ª ordem	$x_0(w) = \sqrt{1/2}$
2ª ordem	$x_1(w) = \sqrt{3/2}\,.\,t$
3ª ordem	$x_2(w) = 1/2\,.\sqrt{5/2}\,.(3w^2 - 1)$
4ª ordem	$x_3(w) = 1/2\,.\sqrt{7/2}\,.(5w^3 - 3w)$
5ª ordem	$x_4(w) = 1/8\,.\sqrt{9/2}\,.(35w^4 - 30w^2 + 3)$
6ª ordem	$x_5(w) = 1/8\,.\sqrt{11/2}\,.(63w^5 - 70w^3 + 15w)$

A qualidade de ajuste do modelo foi avaliada pelo Critério de Informação de Akaike (AIC; AKAIKE, 1974) e pelo Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC; SCHWARZ, 1978) os quais permitem comparar modelos não aninhados e penalizar os modelos com maior número de parâmetros (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Os valores de comparação para AIC e BIC foram dados por:

$$AIC = -2\log(L) + 2p \quad (3)$$

$$BIC = -2\log(L) + plog(N - r) \quad (4)$$

Em que: p é o número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações e r é o posto da matriz de incidência para efeitos fixos (matriz X). Valores baixos para AIC e BIC indicam melhor ajuste do modelo (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003).

5.3 Análises Quantitativas

Sobre os dados fenotípicos, a primeira abordagem foi por meio do modelo de regressão, o qual descreve a expressão de um fenótipo por um genótipo, em função do ambiente. Neste caso, os ambientes não são classificados em grupo, de modo que os fenótipos irão mudar gradualmente e de forma contínua ao longo de um gradiente ambiental, sendo a regressão do desempenho dos genótipos em cada ambiente o método mais utilizado para este tipo de análise (KOLMODIN et al., 2002).

Para análise dos dados, dois modelos foram utilizados: o modelo animal ignorando a interação genótipo ambiente e o modelo animal utilizando a interação genótipo ambiente.

O coeficiente de herdabilidades (h^2) foi estimado para cada característica pela razão entre a variância genética aditiva (σ^2_a) e a variância fenotípica (σ^2_y) para 205 dias em lactação, pois o banco de dados possuía maiores informações neste ponto da lactação.

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} \quad (5)$$

Em que: σ^2_p é a variância de ambiente permanente; σ^2_e é a variância residual.

5.4 Modelo sem interação genótipo ambiente

Os teores para gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado e produção de leite foram modelados por regressão aleatória como descrito (MEYER, 1998):

$$y_{ij} = \mu + F + \sum_{m=1}^{k_\beta - 1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^{k_\alpha - 1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_\rho - 1} \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij} \quad (6)$$

Em que: *y* é o vetor da variável resposta *i* do animal *j*; *μ* é a média global; *F* é o conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (ano de parto,

estação e rebanho); β_m é o coeficiente de regressão para o polinômio de Legendre *m*; α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal *i*; k_β, k_α e k_ρ são as ordens dos polinômios; φ_m é a m-ésima função polinomial de Legendre; ε_{ij} é o efeito residual aleatório.

Em sua forma matricial o modelo pode ser descrito como (MEYER, 1998):

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{Xb} + \boldsymbol{Za} + \boldsymbol{Wp} + \boldsymbol{e} \quad (7)$$

Em que: *y* é o vetor das observações; *X* é a matriz de incidência dos efeitos fixos; b é o vetor de efeitos fixos; *Z* é a matriz de incidência do efeito aleatório genético aditivo; a é o vetor do efeito aleatório genético aditivo; W é a matriz de incidência do efeito aleatório de ambiente permanente; p é o vetor do efeito aleatório de ambiente permanente; e é o vetor de efeitos residuais, NID (0,σ²).

5.5 Modelo com interação genótipo ambiente

Para verificar a presença de interação genótipo ambiente, os teores para gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado e produção de leite foram modelados por regressão aleatória pelo modelo adaptado sugerido por Bohmanova et al. (2008).

$$y_{ij} = \mu + F + \sum_{m=1}^{k_\beta - 1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=1}^{k_\alpha - 1} \alpha_{0im}\, \phi_m + \sum_{m=1}^{k_\alpha - 1} \alpha_{1im}\, \phi_m \times t + \sum_{m=1}^{k_\rho - 1} \rho_{0im} \phi_m + \sum_{m=1}^{k_\rho - 1} \rho_{1im} \phi_m \times t + \varepsilon_{ij} \quad (8)$$

Em que: *y* é o vetor da variável resposta *i* do animal *j*; μ é a média global; *F* é o conjunto de efeitos fixos, constituído pelo grupo de contemporâneo (ano de parto, estação e rebanho); β_m é o coeficiente de regressão para o polinômio de Legendre *m*; α_{0im} e ρ_{0im} são os coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, para o animal *i* independente do nível de

estresse térmico *t*; α_{1im} e ρ_{1im} são os coeficientes de regressão aleatória para o efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente, para a sensibilidade ambiental do animal *i* ao estresse térmico *t*; k_β, k_α e k_ρ são as ordens dos polinômios; φ_m é a mésima função polinomial de Legendre; ε_{ij} é o efeito residual aleatório.

Estrutura de covariância:

$$ar\begin{bmatrix}\alpha_0\\ \alpha_1\\ p_0\\ p_1\\ e\end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{a\alpha} & 0 & 0 & 0\\ A\sigma_{a\alpha} & A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0\\ 0 & 0 & I\sigma_p^2 & I\sigma_{p\pi} & 0\\ 0 & 0 & I\sigma_{p\pi} & I\sigma_p^2 & 0\\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: *A* é a matriz de relacionamento; *I* é a matriz identidade; σ^2_a é a variância do efeito genético aditivo; σ^2_p é a variância do efeito de ambiente permanente; $\sigma_{a\alpha}$ é a covariância entre o intercepto e o efeito genético aditivo; $\sigma_{p\pi}$ é a covariância entre o intercepto e o efeito de ambiente permanente.

5.6 Grau de estresse térmico (t)

O grau de estresse térmico (t) é utilizado para estimar o declínio de uma característica, por exemplo, produção de leite, devido ao estresse térmico sofrido pelo animal. Esta medida é obtida quando se compara a média dos valores índice de umidade e temperatura (THI) com o limite de estresse térmico do animal, representado pelo valor 72 (BOHMANOVA et al., 2008; NATIONAL RESEARCH COUNCIL - NRC, 1971).

5.7 Cálculo do índice de temperatura e umidade (THI)

O THI é um índice que utiliza informações meteorológicas que serão utilizadas nas análises de estresse térmico relacionadas ao desempenho animal, sendo calculado por (NRC, 1971):

$$THI = [1{,}8 \times temp + 32] - [0{,}55 - (0{,}0055 \times rh)] \times [1{,}8 \times temp - 26] \quad (9)$$

Em que: *THI* é o índice de umidade e temperatura; *temp* é a temperatura (°C); *rh* é a umidade relativa do ar (%)

Deste modo:

$$Se\ \overline{\boldsymbol{THI}} \leq \mathbf{72}\ , então\ \boldsymbol{t} = \mathbf{0}, ou\ seja, não\ há\ estresse\ térmico$$
$$Se\ \overline{\boldsymbol{THI}} > \mathbf{72}, então\ \boldsymbol{t} = \overline{\boldsymbol{THI}} - \mathbf{72}, ou\ seja, há\ estresse\ térmico$$

5.8 Cálculo do valor genético (VG)

O cálculo do valor genético (VG) foi realizado por meio do software estatístico SAS® 9.3 (*Statistical Analysis System*) utilizando a seguinte fórmula:

$$VG_{pt} = \sqrt[2]{0{,}5} * \alpha_{pi} + \sqrt[2]{3/_2} * \beta_{pi} * w \quad (10)$$

Em que: VG_{pt} é o valor genético da vaca p para dias em lactação t, α_{pi} é o coeficiente de regressão do valor genético aditivo da p-ésima vaca para a i-ésima característica em ambiente sem estresse térmico; β_{pi} é o coeficiente de regressão do valor genético de ambiente permanente da p-ésima vaca para a i-ésima característica em ambiente com estresse térmico; *w* é a padronização do estágio de lactação.

6 RESULTADOS E DISSCUSÃO

6.1 Critérios de ajustes do modelo

Utilizando os polinômios de Legendre, os modelos foram comparados pela função de máxima verossimilhança restrita (-2log(L)), pelo critério de informação de Akaike (AIC) e pelo critério de informação Bayesiano (BIC) para gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado e produção (Tabela 4), sendo que os melhores ajustes do modelo são indicados pelos menores valores encontrados em cada critério (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; LÓPEZ-ROMERO; CARABANO, 2003).

Para o teor de gordura do leite, os critérios apresentaram diferentes ordens de polinômio que se ajustaram melhor ao modelo. Neste caso, para o critério (-2log(L)), o polinômio de primeira ordem (Leg1) foi o que melhor se ajustou, enquanto que para AIC e BIC, os polinômios de melhor ajuste foram os de segunda ordem (Leg2) e de sexta ordem (Leg6), respectivamente. No entanto, apesar de apresentar diferentes ordens de polinômio para os critérios de (-2log(L)) e AIC, os valores encontrados para estes ajustes foram bem próximos (-1241,852 e -1247,351), diferentemente do valor apresentado para o critério de BIC (-1381,719).

Para o teor de proteína e produção de leite, o melhor modelo de ajuste foi o polinômio de Legendre de primeira ordem (Leg1) para os três critérios de ajuste adotados. Nota-se que neste caso, os valores dos critérios de ajuste são bem próximos, para o teor de proteína os valores para (-2log(L)), AIC e BIC foram 6709,922, 6706,922 e 6696,598; para produção de leite os valores para (-2log(L)), AIC e BIC foram -8011,994, -8014,994 e -8024,253.

Em relação aos teores de ácidos graxos saturados e insaturados, os polinômios mais adequados foram os de primeira ordem (Leg1) tanto para o critério de (-2log(L)) como para o critério de AIC. Enquanto que, para o critério de BIC o melhor modelo de ajuste foi o polinômio de sexta ordem (Leg6). Arnould et al. (2010) e Bastin, Gengler e Soyeurt (2011) utilizaram polinômios de Legendre de segunda ordem para verificar a variação genética dos ácidos graxos saturados e insaturados em vacas da raça Holandesa.

Para Strabel et al. (2005) o polinômio de Legendre de terceira ordem (Leg3) foi o que melhor se ajustou para produção de leite em gado polonês. Em trabalhos

realizados por Biassus et al. (2010, 2011) os polinômios de quarta, quinta e sexta ordem foram os que apresentaram melhores ajustes para as características de produção, gordura e proteína do leite. Pool e Meuwissen (2000) recomendam o uso do polinômio de Legendre de quarta ordem (Leg4) para produção de leite.

Os estudos com bovino leiteiro demonstram que ordens baixas para os polinômios de Legendre são suficientes para ajustar os dados. No entanto, os polinômios de ordem superior são flexíveis, sendo capazes de modelar as variações ao longo de uma escala contínua (BIGNARDI et al., 2009; MEYER, 2000).

De forma geral, o critério de BIC apresentou menores valores em todas as ordens dos polinômios de Legendre para as características estudadas, seguido pelos critérios de AIC e (-2log(L)), o qual apresentou os maiores valores de ajuste. Isto ocorre porque os critérios de AIC e BIC utilizam penalizações na forma (-2 log(L) + f (n, k)), onde n representa o número de dados e k é o número de parâmetros livres no modelo, sendo que a penalização dos modelos com maior número de parâmetros é mais rigorosa para o critério de BIC (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; LÓPEZ-ROMERO; CARABANO, 2003). Estudos apontam que o teste de verossimilhança (LRT) não é adequado para o estudo de modelos não aninhados, e, portanto, não deve ser aplicado em modelos de estudos de lactação (LÓPEZ-ROMERO; CARABANO, 2003; GELFAND; GHOSH, 1998), por este motivo este teste não foi empregado no presente estudo.

Tabela 4 - Número de parâmetros, função de máxima verossimilhança restrita (-2log(L)), critério de informação de Akaike (AIC) e critério de informação Bayesiano (BIC) para os diferentes modelos utilizados no ajuste para gordura, proteína, ácido graxo saturado, ácido graxo insaturado e produção

Modelo	Número de parâmetros	-2log(L)	AIC	BIC
		GORDURA		
Leg1	3	**-1241.852**	-1244.852	-1255.176
Leg2	7	-1240.351	**-1247.351**	-1271.437
Leg3	13	-1216.698	-1229.698	-1274.428
Leg4	21	-1204.694	-1225.694	-1297.949
Leg5	31	-1196.382	-1227.382	-1334.042
Leg6	43	-1190.774	-1233.774	**-1381.719**
		PROTEÍNA		
Leg1	3	**6709.922**	**6706.922**	**6696.598**
Leg2	7	6826.485	6819.485	6795.397
Leg3	13	6954.167	6941.167	6896.433
Leg4	21	7092.111	7071.111	6998.848
Leg5	31	7170.393	7139.393	7032.722
Leg6	43	7175.678	7132.678	6984.718
		SATURADO		
Leg1	3	**2320.772**	**2317.772**	2307.680
Leg2	7	2342.635	2335.635	2312.087
Leg3	13	2376.727	2363.727	2319.997
Leg4	21	2381.409	2360.409	2289.769
Leg5	31	2380.755	2349.755	2245.480
Leg6	43	2387.088	2344.088	**2199.452**
		INSATURADO		
Leg1	3	**5458.702**	**5455.702**	5445.626
Leg2	7	5468.955	5461.955	5438.445
Leg3	13	5494.758	5481.758	5438.098
Leg4	21	5509.054	5488.054	5417.526
Leg5	31	5516.385	5485.385	5381.276
Leg6	43	5516.842	5473.842	**5329.436**
		PRODUÇÃO DE LEITE		
Leg1	3	**-8011.994**	**-8014.994**	**-8024.253**
Leg2	7	-7858.535	-7865.535	-7887.137
Leg3	13	-7843.796	-7856.796	-7896.914
Leg4	21	-7790.892	-7811.892	-7876.693
Leg5	31	-7755.544	-7786.544	-7882.200
Leg6	43	-7741.597	-7784.597	-7917.274

6.2 Variâncias

a. Gordura

Para o teor de gordura, as variâncias genéticas aditiva, de ambiente permanente, fenotípica e residual estimadas pelo modelo de regressão aleatória para os polinômios de Legendre de primeira a sexta ordens estão representadas na Figura 3.

A variância genética aditiva foi de 0,013 (g/100g de leite²) para Leg1 e chegando a 1,9 (g/100g de leite²) para Leg6. Observa-se que para o Leg6, a variância genética aditiva foi maior no início da lactação (1,912) e ao longo da lactação este valor foi reduzindo, chegando a 0,845 (g/100g de leite²) aos 305 dias. Este padrão também foi observado em estudo realizado por Pool, Janss e Meuwissen (2000).

As variâncias fenotípicas estimadas para os modelos Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4 variaram entre 0.540 e 0.688 (g/100g de leite²). No início da lactação para Leg5 e Leg6 as variâncias fenotípicas foram de 1,898 e 3,672 (g/100g de leite²) respectivamente, enquanto que no final da lactação as variâncias foram 1,287 e 2,389 (g/100g de leite²) para as mesmas ordens de polinômio. As variâncias de ambiente permanente foram 0,119, 0,116, 0,099 e 0,136 para Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4. Para Leg5 e Leg6 os maiores valores foram no início da lactação (1,030 e 1,404) e 0,441 e 1,189 no final da lactação.

Deste modo, a variância residual para teor de gordura para o polinômio de Legendre de primeira ordem foi de 0,407 (g/100g de leite²), no entanto este valor reduziu conforme foram aumentadas as ordens dos polinômios, assim a variância residual para o polinômio de sexta ordem foi 0,355 (g/100g de leite²). Este padrão também foi encontrado por Biassus et al. (2011).

b. Proteína

Para o teor de proteína o modelo de melhor ajuste (Leg1), a variância genética aditiva foi de 0,002 (g/100g de leite)². Além disso, para o modelo Leg6, a variância genética aditiva foi maior no início da lactação (0,510), e ao longo da lactação este valor foi reduzindo, chegando a 0,073 (g/100g de leite)² aos 305 dias de lactação (Figura 4).

A variância fenotípica para as ordens Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4 variam entre 0.068 e 0.110. No início da lactação para Leg5 e Leg6 as variâncias fenotípicas foram de 0,895 e 1,033 respectivamente, enquanto que no final da lactação as variâncias foram 0,757 e 0,154 para as mesmas ordens de polinômio. As variâncias de ambiente permanente foram 0,077, 0,034, 0,056 e 0,077 para Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4. Para Leg5 e Leg6 os maiores valores foram no início da lactação (0,645 e 0,495) e 0,288 e 0,053 no final da lactação. Os resultados encontrados neste estudo foram semelhantes aos encontrados por Flores e Van Der Werf (2015) e Borquis et al. (2013).

A variância residual para teor de proteína para o polinômio de Legendre de primeira ordem foi de 0,039, no entanto este valor foi reduzindo conforme aumentou a ordem dos polinômios, assim a variância residual para o polinômio de sexta ordem foi 0,027.

c. Ácido Graxo Saturado

As variâncias encontradas para os teores de ácido graxo saturado estão representadas na Figura 5. A variância genética aditiva foi de 0,002 para Leg1 e chegando a 0,519 para Leg6, apresentando maiores valores no início (0,519) e no final (0,065) da lactação. Além disso, é possível observar que a variância genética dos modelos Leg5 e Leg6 foram maiores que a variância de ambiente permanente durante alguns períodos da lactação. Entretanto, este resultado difere do resultado encontrado por Soyeurt et al. (2008), no qual as variâncias genéticas são maiores que as variância de ambiente permanente ao longo de toda a lactação.

A variância fenotípica para as ordens Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4 variam entre 0.068 e 0.110. No início da lactação para Leg5 e Leg6 as variâncias fenotípicas foram de 0,875 e 1,042 respectivamente, enquanto que no final da lactação as variâncias foram 0,737 e 0,146 para as mesmas ordens de polinômio. As variâncias de ambiente permanente foram 0,026, 0,034, 0,056 e 0,077 para Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4. Para Leg5 e Leg6 os maiores valores foram no início da lactação (0,645 e 0,495) e 0,288 e 0,053 no final da lactação.

A variância residual para teor de ácido graxo saturado para o polinômio de Legendre de primeira ordem foi de 0,039, no entanto este valor foi reduzindo

conforme aumentou a ordem dos polinômios, assim a variância residual para o polinômio de sexta ordem foi 0,027.

d. Ácido Graxo Insaturado

As variâncias encontradas para os teores de ácido graxo insaturado estão representadas na Figura 6. A variância genética aditiva foi de 0,001 para Leg1 e chegando a 0,080 para Leg6. Para o Leg6, a variância genética aditiva foi maior no início da lactação (0,080), e ao longo da lactação este valor foi reduzindo, chegando a 0,072 aos 305 dias de lactação.

A variância fenotípica para as ordens Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4 variam entre 0.060 e 0.103. No início da lactação para Leg5 e Leg6 as variâncias fenotípicas foram de 0,179 e 0,550 respectivamente, enquanto que no final da lactação as variâncias foram 0,142 e 0,490 para as mesmas ordens de polinômio. As variâncias de ambiente permanente foram 0,007, 0,014, 0,019 e 0,022 para Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4. Para Leg5 e Leg6 os maiores valores foram no início da lactação (0,082 e 0,495) e 0,114 e 0,063 no final da lactação.

A variância residual para teor de ácido graxo insaturado para o polinômio de Legendre de primeira ordem foi de 0,051, no entanto este valor aumentou conforme aumentou a ordem dos polinômios, assim a variância residual para o polinômio de sexta ordem foi 0,355.

e. Produção de Leite

Para a produção de leite, as variâncias encontradas estão representadas na Figura 7. A variância genética aditiva foi de 11,02 para Leg1 e chegando a 179,50 para Leg6. Para o Leg6, a variância genética aditiva foi maior no início da lactação (179,50), e ao longo da lactação este valor foi reduzindo, chegando a 98,231 no final da lactação. Os valores encontrados neste estudo são similares os resultados encontrados por Pool, Janss e Meuwissen (2000).

A variância fenotípica para as ordens Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4 variam entre 82,283 e 93,495. No início da lactação para Leg5 e Leg6 as variâncias fenotípicas foram de 341,48 e 468,96 respectivamente, enquanto que no final da lactação as variâncias foram 250,46 e 304,25 para as mesmas ordens de polinômio.

As variâncias de ambiente permanente foram 56,21, 74,27, 69,26 e 50,74 para Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4. Para Leg5 e Leg6 os maiores valores foram no início da lactação (215,96 e 281,15) e 163,25 e 197,71 no final da lactação. Estes resultados são similares aos encontrados por Muasya et al. (2014).

A variância residual para produção de leite para o polinômio de Legendre de primeira ordem foi de 15,05, no entanto este valor aumentou conforme aumentou a ordem dos polinômios, assim a variância residual para o polinômio de sexta ordem foi 468,964.

É possível notar que para os teores de gordura, proteína, ácido graxo saturado e produção as estimativas de variância foram maiores no início e no final da lactação para os polinômios de quinta e sexta ordens. Estes resultados podem ser atribuídos à dificuldade de modelagem de produção de leite no dia do controle no início da lactação, pois a vaca apresenta um déficit de energia neste período (BIGNARDI et al., 2009).

De acordo com De Ross et al. (2004), a variação genética nas extremidades da lactação são maiores porque as curvas de lactação não são modelas separadamente, como quando as vacas e suas filhas são ordenhadas no mesmo rebanho, apresentando dificuldade em separar rebanho dos efeitos genéticos no modelo. Além disso, as variâncias nos extremos da lactação também podem ser causadas pelo tipo de função de regressão utilizada, pela redução de registros nas extremidades da lactação e por fatores que não foram incluídos no modelo, como o efeito da prenhez (BOHMANOVA et al., 2008).

A variância residual permaneceu homogênea para todas as características e todas as ordens no presente estudo. Segundo Olori et al. (1999) a variação residual constante produz um viés residual no início da lactação, o qual não afeta significativamente as estimativas dos outros componentes de variância.

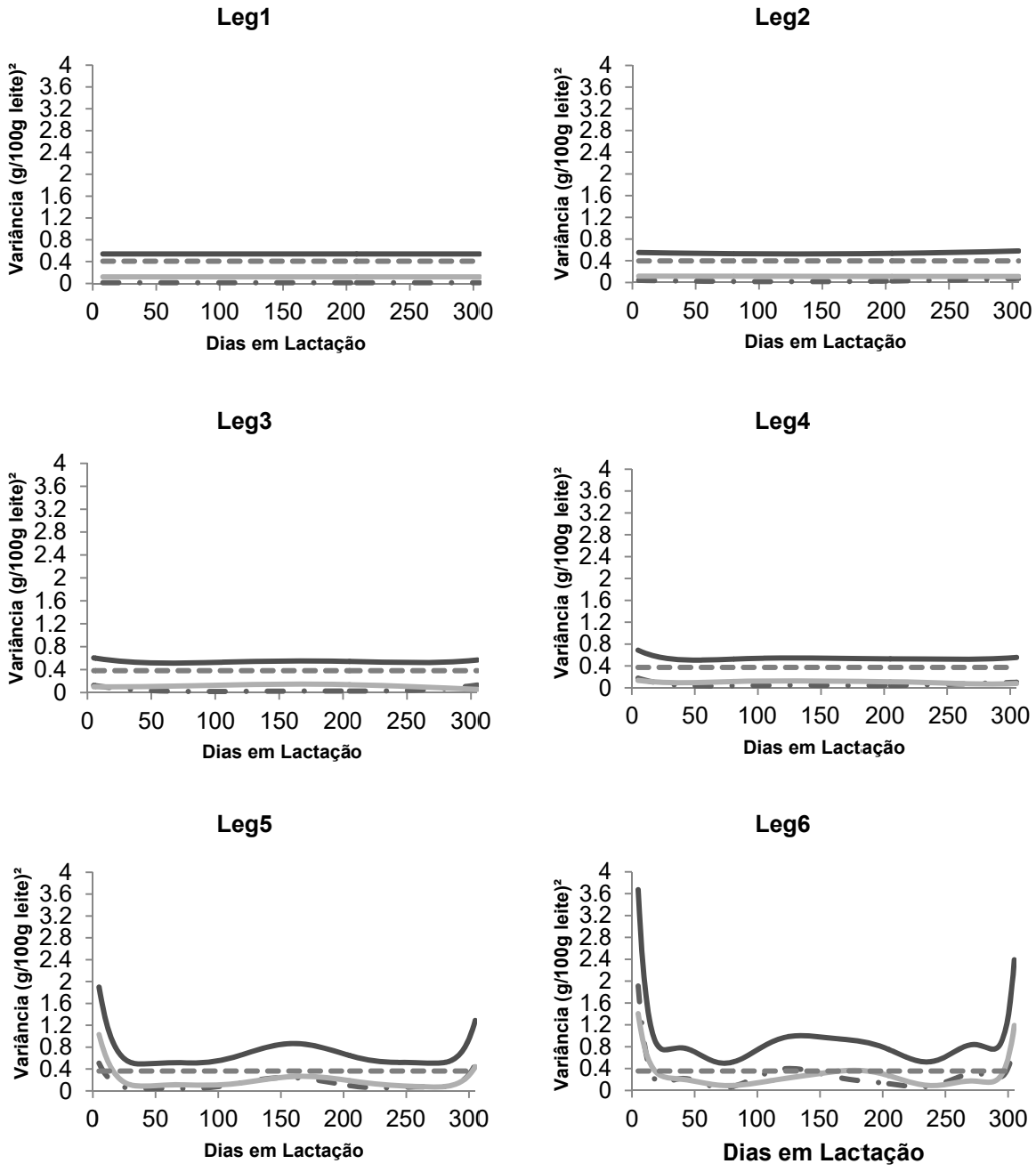

Figura 3 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (– · –), de ambiente permanente (——), fenotípica (——) e residual (- - - -) para o teor de gordura do leite de vacas holandesas, em função do estágio de lactação para os modelos estudados

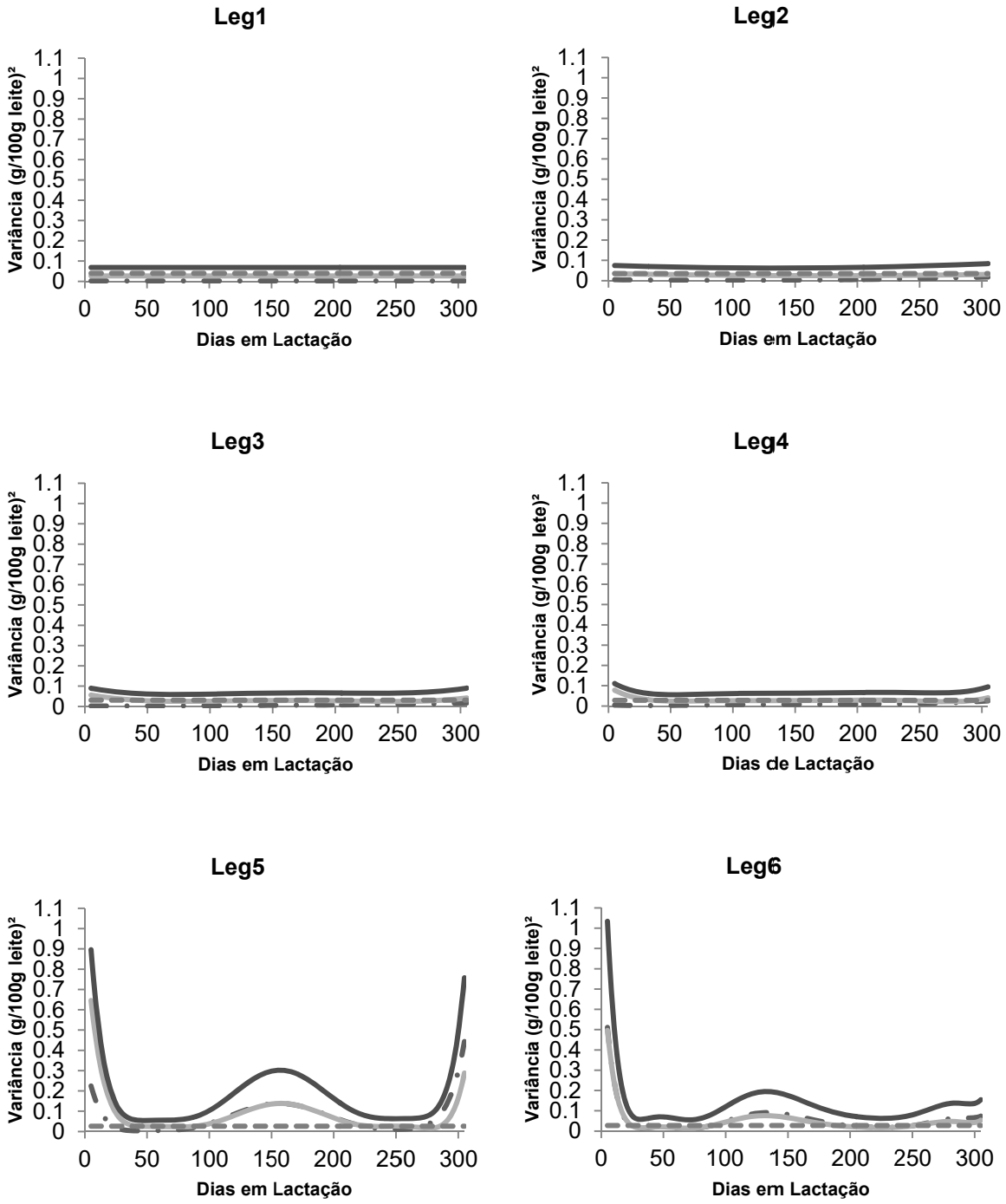

Figura 4 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (– · –), de ambiente permanente (——), fenotípica (——) e residual (- - - -) para o teor de proteína do leite de vacas Holandesas, em função do estágio de lactação para os modelos estudados.

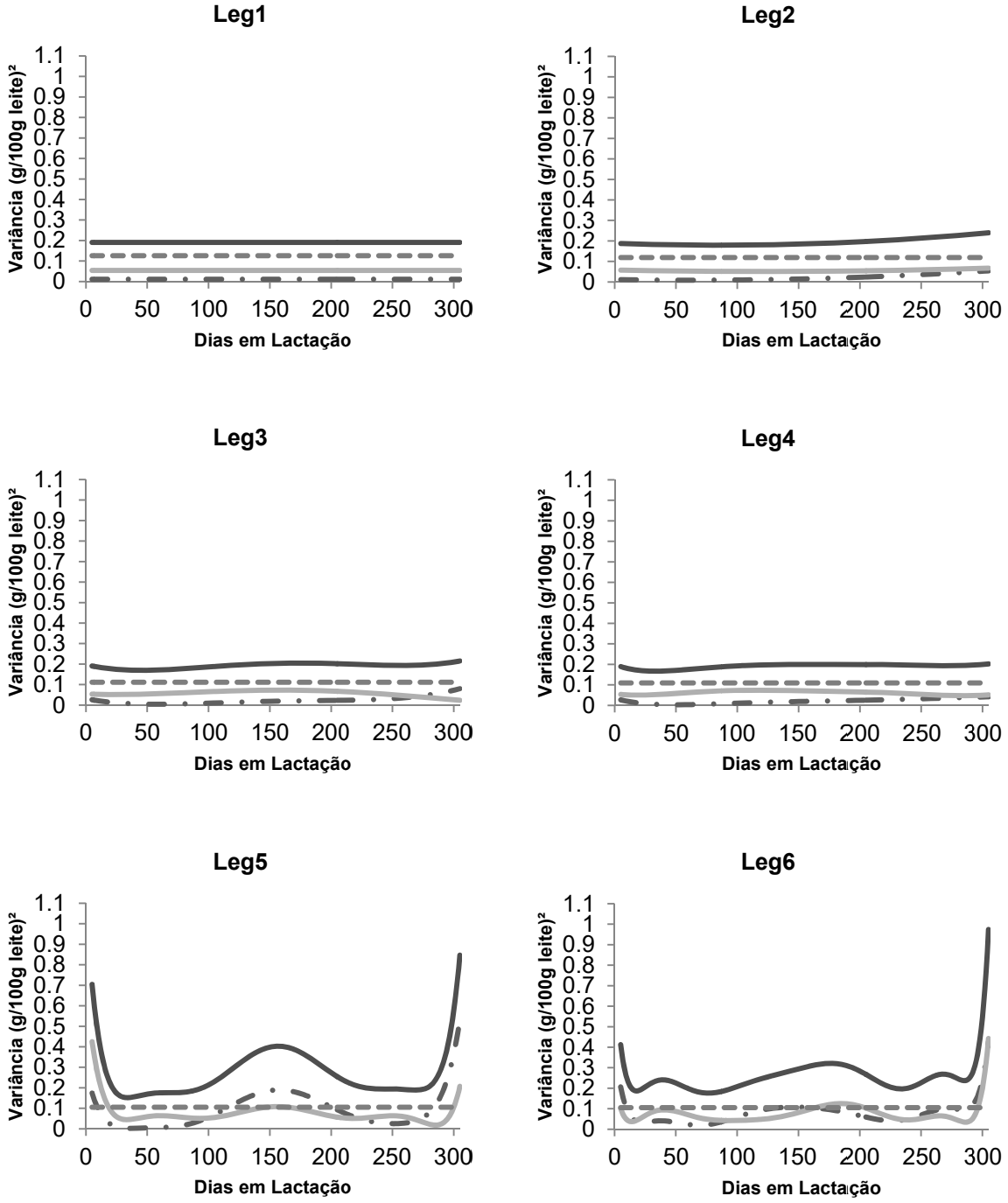

Figura 5 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (– · –), de ambiente permanente (——), fenotípica (——) e residual (- - - -) para o teor de ácido graxo saturado do leite de vacas Holandesas, em função do estágio de lactação para os modelos estudados.

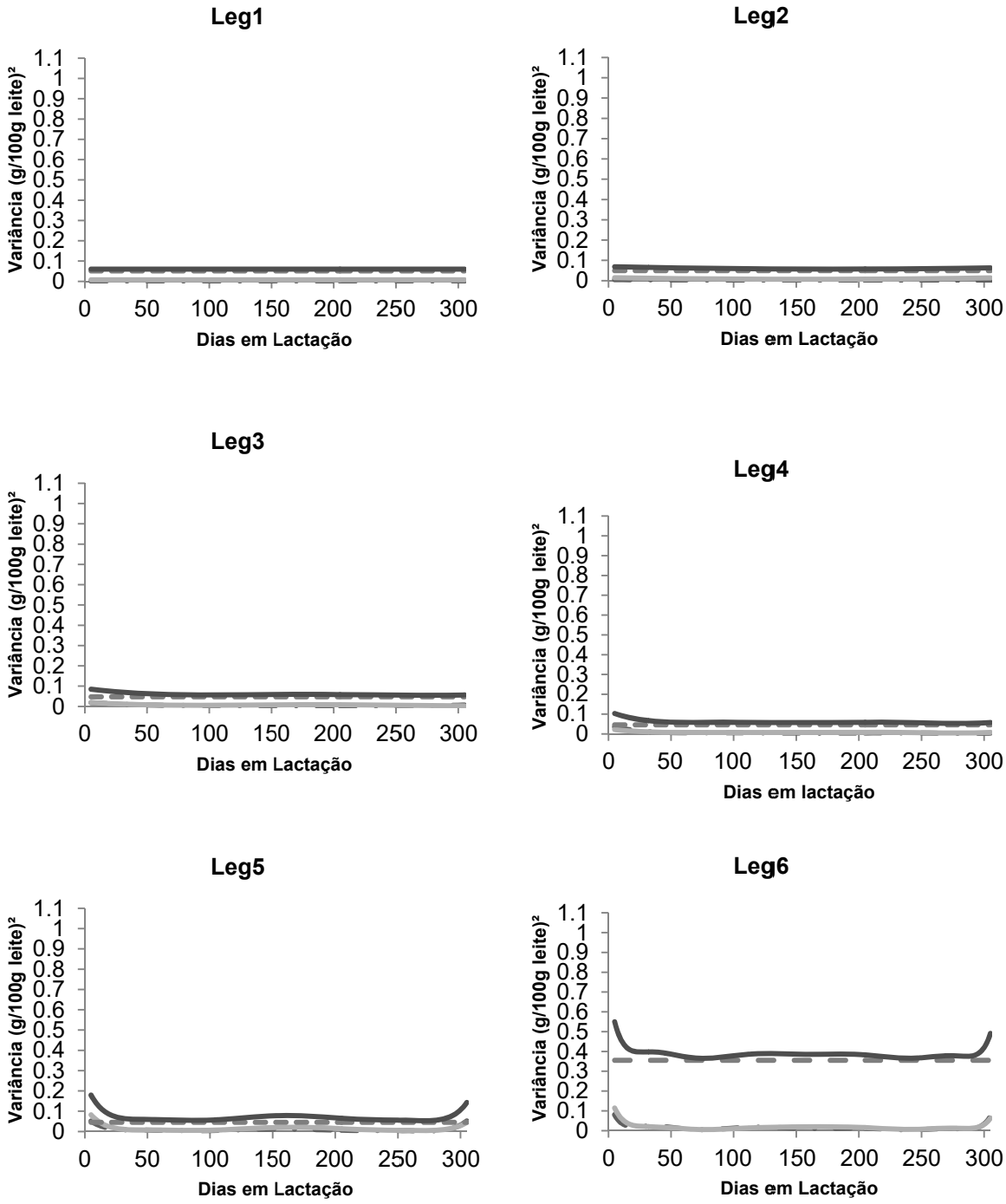

Figura 6 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (– · –), de ambiente permanente (——), fenotípica (——) e residual (- - - -) para o teor de ácido graxo insaturado do leite de vacas Holandesas, em função do estágio de lactação para os modelos estudados.

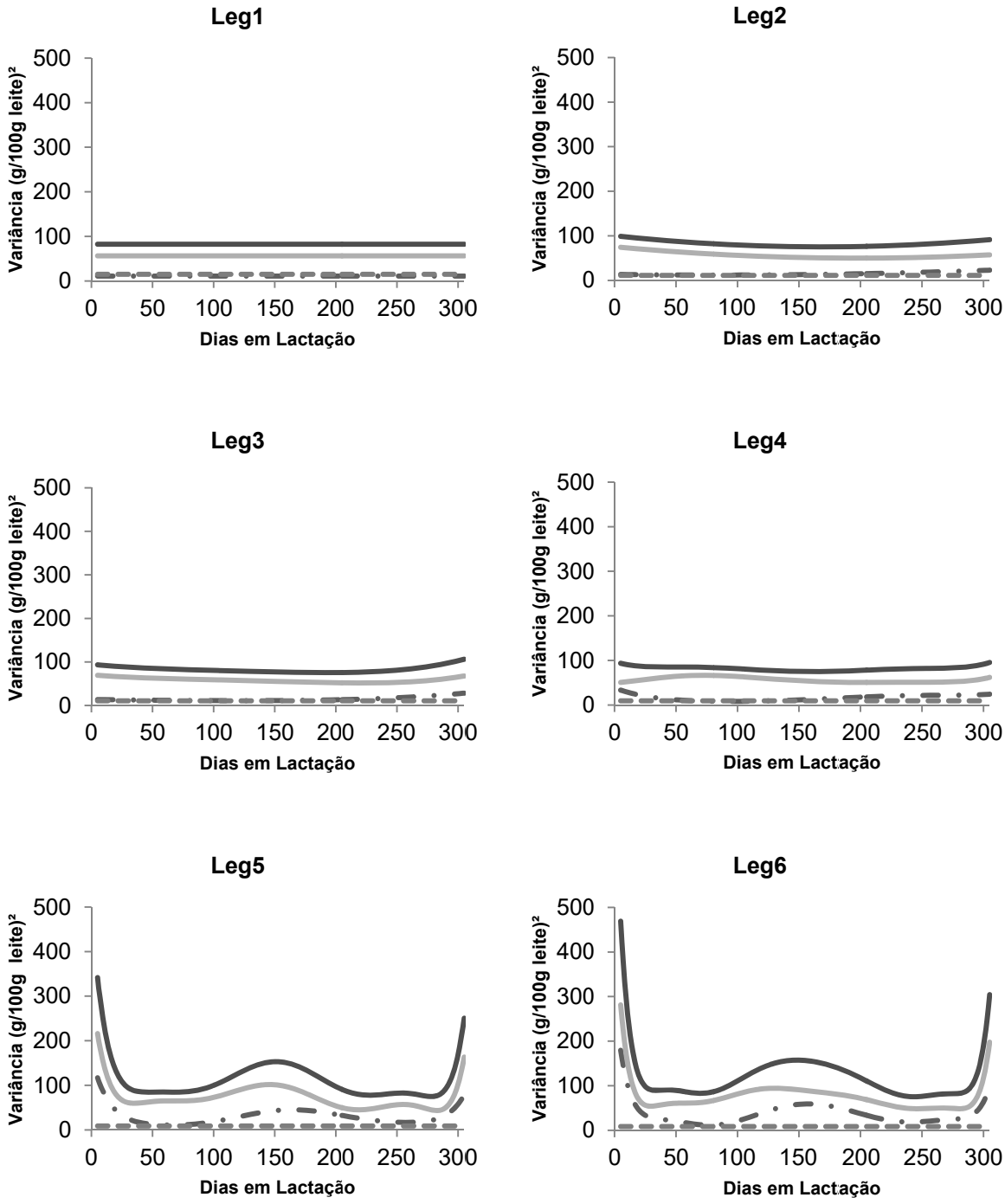

Figura 7 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (– · –), de ambiente permanente (——), fenotípica (——) e residual (- - - -) para produção de leite de vacas Holandesas, em função do estágio de lactação para os modelos estudados.

6.3 Herdabilidades

A herdabilidade (h²) é definida como uma relação entre variâncias, ou seja, expressa a proporção da variância total de uma população que é atribuível à variação genética aditiva (VISSCHER, 2008). Assim, seu caráter preditivo é a sua principal função, pois a herdabilidade expressa o grau de confiança do valor fenotípico, como indicador do valor genético (EUCLIDES FILHO, 1999).

Deste modo, as estimativas de herdabilidade (h²) para teor de gordura variaram de 0,02 até 0,52 (Figura 8). Os resultados encontrados no presente trabalho diferem dos resultados encontrados por Soyeurt et al. (2008) (0,23 a 0,44), Jamrozik et al. (1997) (0,34 a 0,68) e Biassus et al. (2011) (0,01 a 0,22). É possível notar que o no melhor modelo de ajuste (Leg6) segundo o critério de informação Bayesiano (BIC), apresentou maiores h² no início e aos 120 dias em lactação, devido à variância genética aditiva, a qual apresentou a mesma tendência ao longo da lactação.

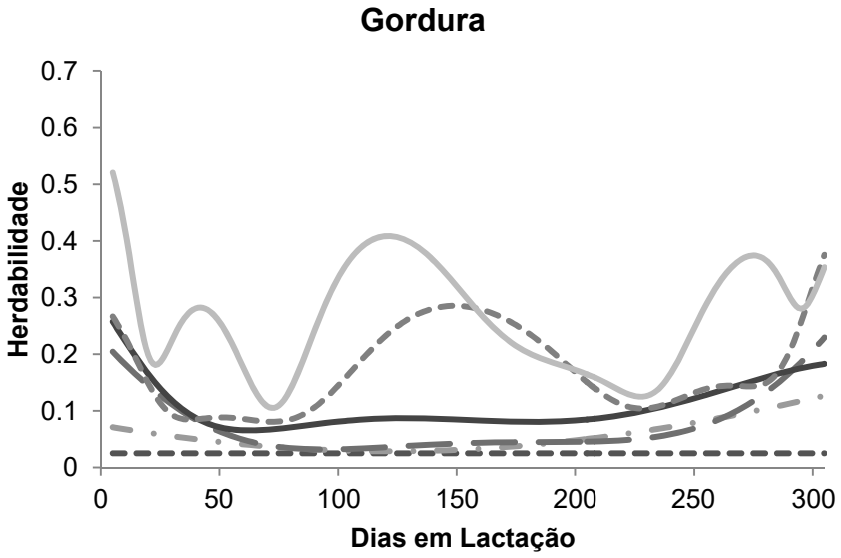

Figura 8 - Estimativa de herdabilidade no decorrer da lactação, para teor de gordura nos modelos Leg1 (- - -), Leg2 (— · —), Leg3 (— — —), Leg4 (———), Leg5 (— — —) e Leg6 (———)

Para o teor de proteína, as herdabilidades variam de 0,03 até 0,63. Porém para o melhor modelo de ajuste (Leg1), a h² permaneceu estável (0,03) ao longo da lactação (Figura 9). Além disso, apesar da variação, especialmente ente 50 e 150 dias em lactação, as herdabilidades para modelos Leg2, Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6 aumentaram ao longo do mesmo período. Os resultados encontrados neste trabalho

são próximos aos resultados encontrados por Jamrozik e Schaeffer (1997) (0,33 a 0,69), Borquis et al. (2013) (0,21 a 0,37) e Biassus et al. (2011) (0,10 a 0,35).

Para o teor de ácido graxo saturado, as herdabilidades variam de 0,05 até 0,63 (Figura 10). De modo geral, herdabilidades aumentaram ao longo da lactação, porém as herdabilidades dos polinômios de quinta (Leg5) e sexta ordem (Leg6) oscilaram ao longo do mesmo período. Os valores encontrados no presente estudo diferem do trabalho realizado por Soyeurt et al. (2008), no qual encontraram herdabilidades entre 0,09 a 0,42.

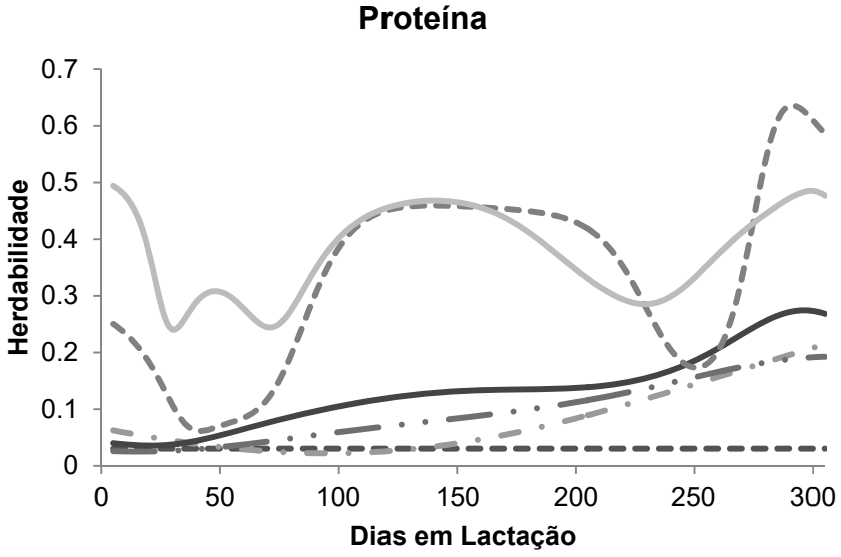

Figura 9 - Estimativa de herdabilidade no decorrer da lactação, para o teor de proteína nos modelos Leg1 (– – –), Leg2 (— · —), Leg3 (— ·), Leg4 (——), Leg5 (— — —) e Leg6 (——)

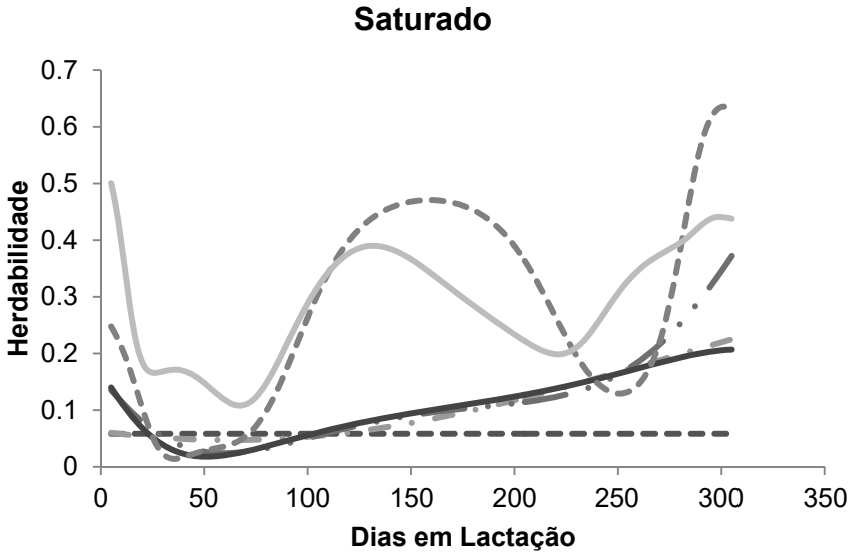

Figura 10 - Estimativa de herdabilidade no decorrer da lactação, para o teor de ácido graxo saturado nos modelos Leg1 (- - -), Leg2 (— · · —), Leg3 (— · —), Leg4 (——), Leg5 (— — —) e Leg6 (——)

As herdabilidades para o teor de ácido graxo insaturado variaram entre 0,019 até 0,364 (Figura 11). Nota-se que as herdabilidades diminuíram ao longo da lactação para os modelos Leg1, Leg2, Leg3 e Leg4, enquanto que as herdabilidades para Leg5 e Leg6 aumentaram durante o mesmo período. Bastin et al. (2011) (0,1 a 0,25).

Os ácidos graxos presentes no leite podem ser sintetizados em células epiteliais, o que caracteriza a síntese *de novo* ou podem ser absorvidos pela corrente sanguínea, provenientes da dieta do animal ou da mobilização de gordura corporal (Chilliard et al. 2000). Segundo Bastin et al. (2012) os ácidos graxos sintetizados nas células epiteliais, como é o caso dos ácidos graxos saturados, apresentaram maiores herdabilidades em relação aos ácidos graxos que foram absorvidos pela corrente sanguínea, como é o caso dos ácidos graxos insaturados. Os resultados encontrados neste trabalho sugerem que os ácidos graxos sintetizados na glândula mamária tem variação genética moderada, podendo ser melhorados por meio de seleção, assim, a escolha de pais de alto valor genético pode gerar progênie de alto potencial produtivo para tais características, melhorando a qualidade do leite e, consequentemente, a rentabilidade do produtor.

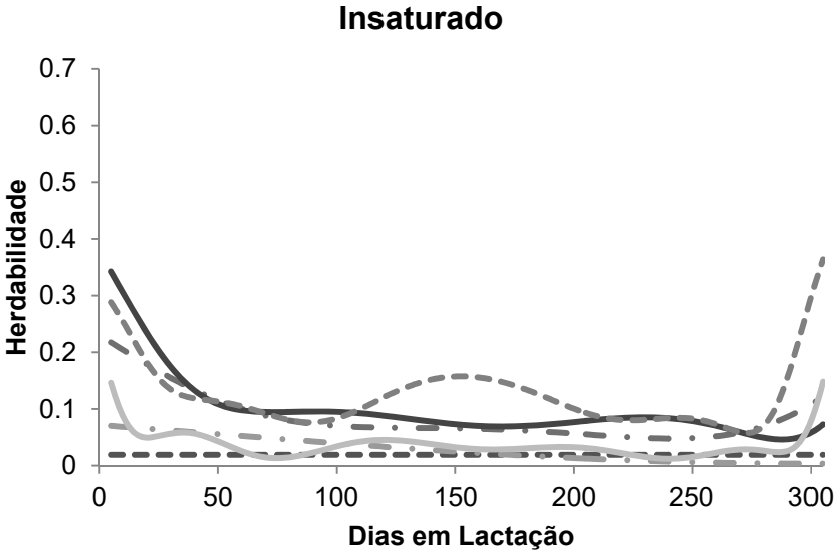

Figura 11 - Estimativa de herdabilidade no decorrer da lactação, para o teor de ácido graxo insaturado nos modelos Leg1 (- - -), Leg2 (— · —), Leg3 (— — ·), Leg4 (———), Leg5 (- - - -) e Leg6 (———)

Em relação à produção de leite, as herdabilidades foram medianas e variaram de 0,133 a 0,390 (Figura 12). É possível notar que a herdabilidade para o modelo Leg1 permaneceu constante ao longo da lactação, enquanto que para os outros modelos (Leg2, Leg3, Leg4, Leg5 e Leg6) as herdabilidades aumentaram ao longo do mesmo período. As estimativas encontradas no presente estudo foram similares as encontradas por Druet et al. (2003), Biassus et al. (2011) e Corrales et al. (2015). Neste último trabalho, os autores sugerem que o aumento da herdabilidade ao longo da lactação esta relacionado a pequenas reduções nos valores dos componentes ambientais permanentes entre os modelos, além do aumento nos valores dos componentes de variância genética aditiva.

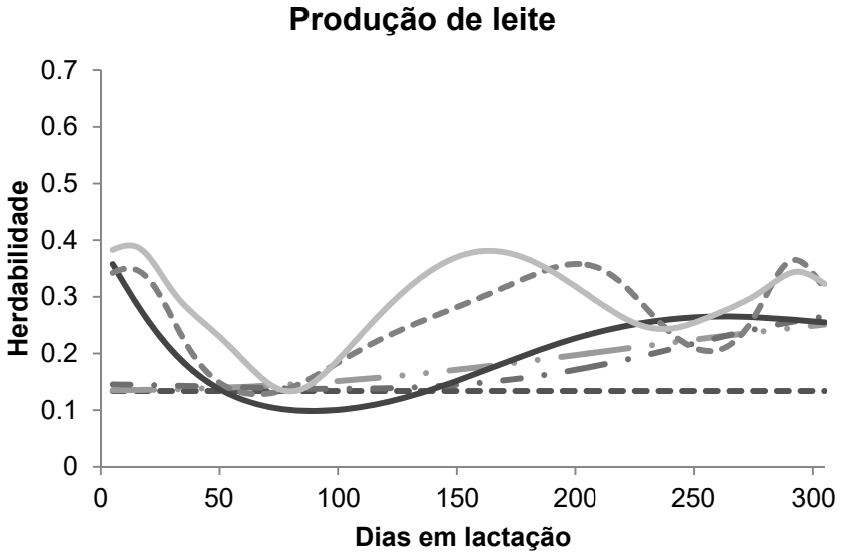

Figura 12 - Estimativa de herdabilidade no decorrer da lactação, para produção de leite nos modelos Leg1 (- - -), Leg2 (— · —), Leg3 (— —), Leg4 (——), Leg5 (— — —) e Leg6 (——)

6.4 Interação genótipo x ambiente

A variação dos valores genéticos dos animais foi observada em ambientes sem a interferência de THI (sem estresse térmico - ambiente A) e em ambientes com interferência de THI (com estresse térmico - ambiente B) em vacas Holandesas com 205 dias em lactação.

Para o teor de gordura, o valor genético variou de -0,5 a 0,5 em ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico (Figura 13). O valor genético para proteína aos 205 dias em lactação variou de -0,4 a 0,4 para ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico (Figura 14). Para o teor de ácido graxo saturado o valor genético aos 205 dias de lactação variou de -0,3 a 0,3 em ambiente sem estresse térmico e de -0,2 a 0,2 em ambiente com estresse térmico (Figura 15).

É possível notar que para o teor de gordura, proteína e ácido graxo saturado houve interação genótipo ambiente, pois os animais apresentaram respostas diferentes quando submetidos a ambientes distintos. A proporção de indivíduos em comum selecionados em ambientes diferentes é inversamente proporcional ao nível da interação genótipo ambiente, neste caso, maiores proporções de indivíduos em comum indicam interações genótipo ambiente mais fracas. Além disso, ambientes

semelhantes também fazem com que a intensidade de seleção diminua (LIN et al., 2002).

O valor genético para ácido graxo insaturado aos 205 dias variou de -0,1 a 0,1 em ambiente sem estresse térmico e de -0,1 a 0,1 em ambiente com estresse térmico (Figura 16). A baixa variação do valor genético dos animais para esta característica demonstra que o desempenho destes animais foi relativamente estável sob as diferentes condições ambientais, indicando que os valores genéticos foram mais robustos aos 205 dias de lactação (BIGNARDI et al., 2015). De acordo com Espasandin et al. (2011) a causa desta estabilidade é devido a elevadas correlações genéticas aditivas e o aumento da estabilidade dos genótipos representa uma menor sensibilidade ambiental destes genótipos.

Em relação a produção de leite, o valor genético variou de -6 a 6 em ambiente sem estresse térmico, mas em um ambiente com estresse térmico a variação foi bem menor, apresentando valores entre -2 e 2 (Figura 17). O mesmo resultado foi encontrado em estudo realizado por Carabaño et al. (2014), neste caso os melhores animais classificados apresentaram menores valores do EBV quando foram expostos em ambientes com temperaturas mais elevadas, confirmando a relação antagônica entre o nível de produção e a tolerância ao estresse térmico encontrado em outros estudos.

Segundo Kadzere et al. (2002), a produção de leite de vacas com elevado mérito genético é reduzida quando estes animais são expostos em ambientes com temperaturas elevadas. Contudo, a alta sensibilidade ambiental pode ser benéfica em ambientes controlados, pois é possível manter níveis elevados de produção destes animais com o auxílio de melhorias físicas no ambiente, como controle da radiação, da temperatura e da umidade do ar.

Os animais com menor sensibilidade ambiental são adequados para incluir em um programa de melhoramento genético animal, pois são capazes de se adaptar a diferentes ambientes, produzindo de forma consistente. Apesar de não ser possível excluir os efeitos da interação genótipo ambiente por meios genéticos, tais efeitos podem ser minimizados utilizando estratégias de melhoramento animal (LILLEHAMMER et al., 2009).

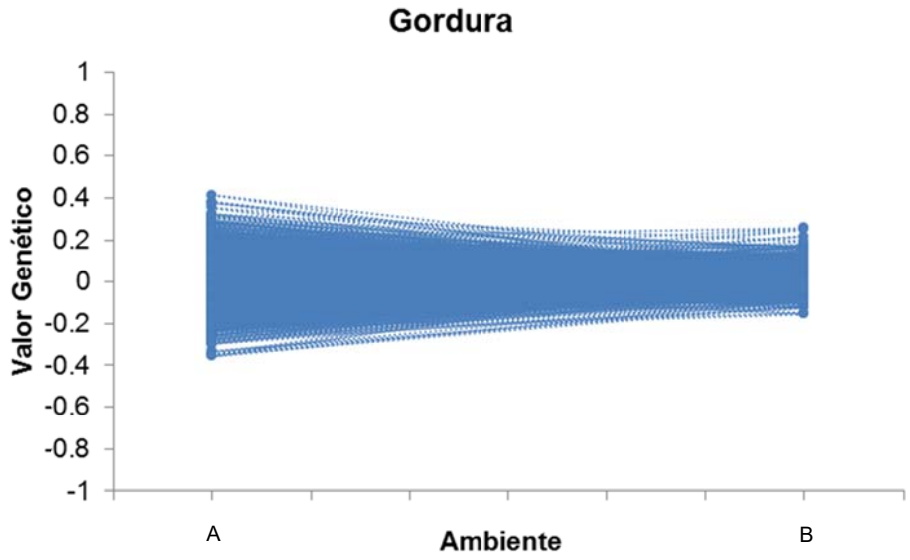

Figura 13 - Estimativa do valor genético para teor de gordura em diferentes ambientes, sem estresse térmico (A) e com estresse térmico (B)

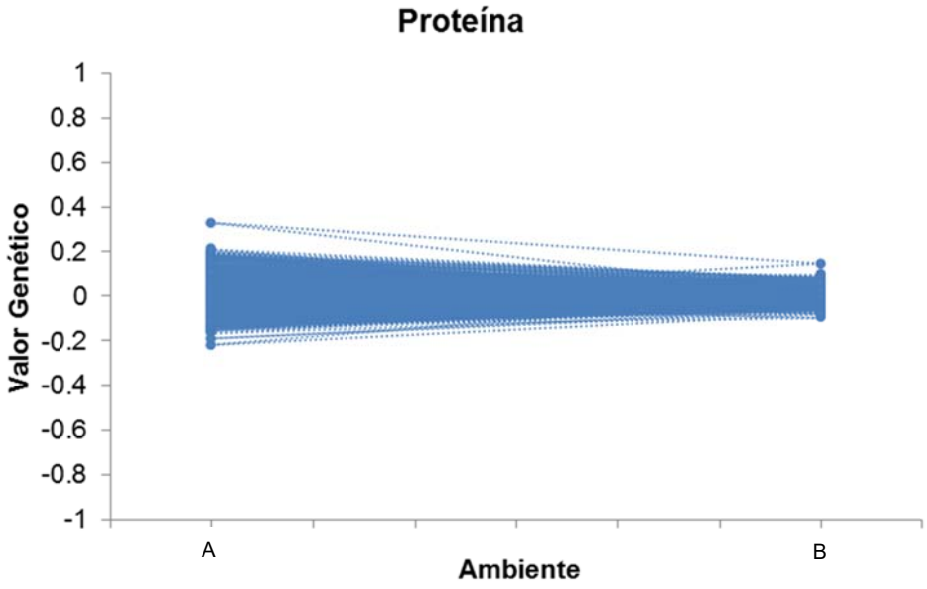

Figura 14 - Estimativa do valor genético para teor de proteína em diferentes ambientes, sem estresse térmico (A) e com estresse térmico (B)

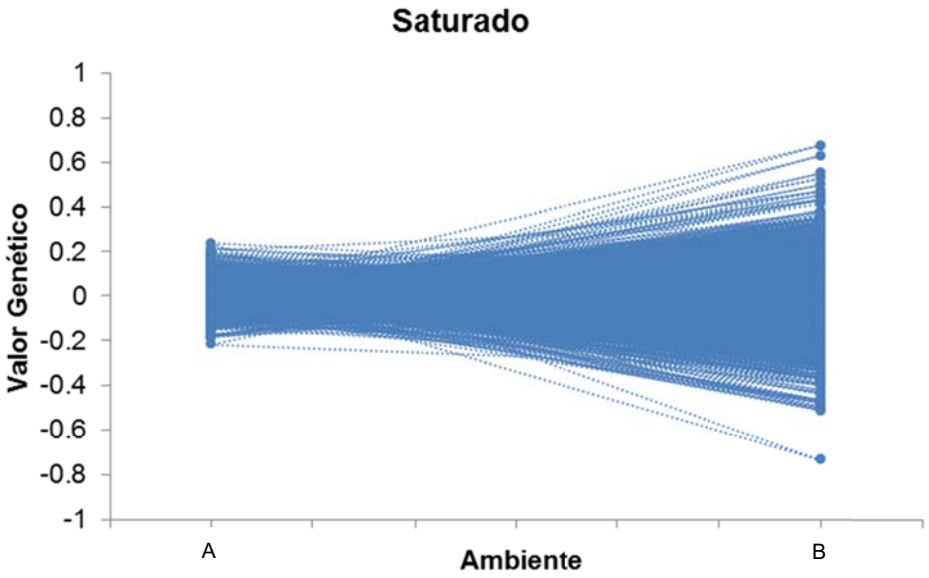

Figura 15 - Estimativa do valor genético para teor de ácido graxo saturado em diferentes ambientes, sem estresse térmico (A) e com estresse térmico (B)

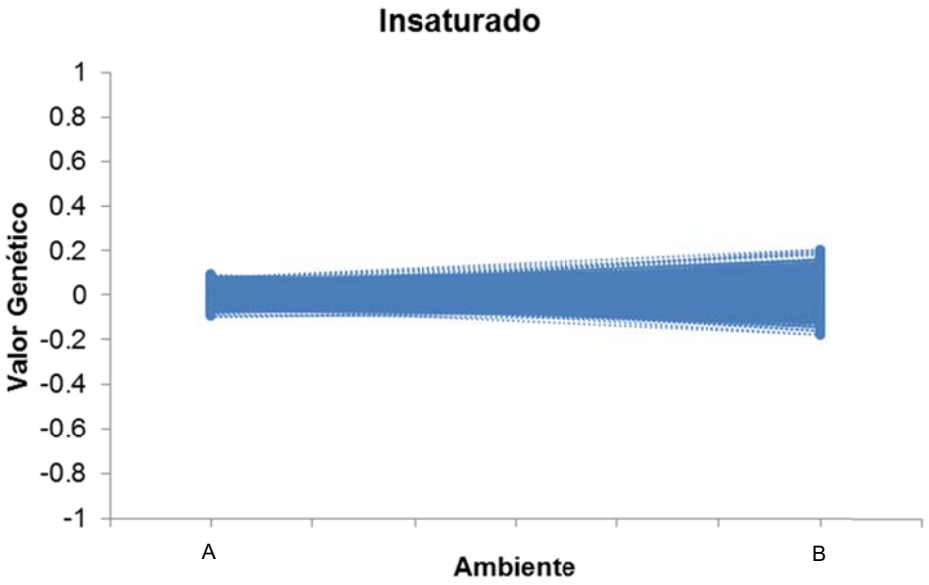

Figura 16 - Estimativa do valor genético para teor de ácido graxo insaturado em diferentes ambientes, sem estresse térmico (A) e com estresse térmico (B)

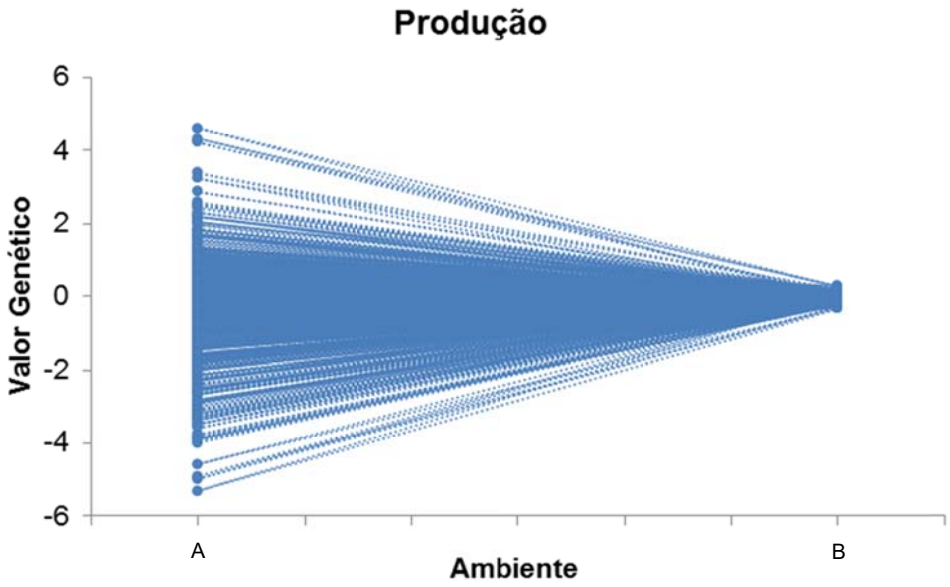

Figura 17 - Estimativa do valor genético para teor de produção de leite em diferentes ambientes, sem estresse térmico (A) e com estresse térmico (B)

7 CONCLUSÕES

Com o uso de informações de temperatura e umidade do ar, foi possível verificar a presença de interação genótipo ambiente para teor de gordura, proteína, ácido graxo saturado e produção de leite aos 205 dias em lactação. No entanto, para constatar se há necessidade de realizar uma nova classificação dos animais para condições tropicais no presente trabalho, seria necessário analisar as informações em outros pontos da lactação.

REFERÊNCIAS

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. Genetic components of heat stress for dairy cattle with multiple lactations. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, n. 11, p. 5702–5711, 2009.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification **IEEE Transactions on Automatic Control**, Notre Dame, v. 19, p. 716–723, 1974.

AMUNDSON, J.L.; MADER, T.L.; RASBY, R.J.; HU, Q.S. Environmental effects on pregnancy rate in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 84, n. 12, p. 3415–3420, 2006.

ARNOULD, V.M.-R.; HAMMAMI, H.; SOYEURT, H.; GENGLER, N. Short communication: genetic variation of saturated fatty acids in Holsteins in the Walloon region of Belgium. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, n. 9, p. 4391–4397, 2010.

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

BASTIN, C.; GENGLER, N.; SOYEURT, H. Phenotypic and genetic variability of production traits and milk fatty acid contents across days in milk for Walloon Holstein first-parity cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, n. 8, p. 4152–4163, 2011.

BASTIN, C.; SOYEURT, H.; GENGLER, N. Genetic parameters of milk production traits and fatty acid contents in milk for Holstein cows in parity 1-3. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 129, p. 1-10, 2012

BEEDE, D.K.; COLLIER, R.J. Potential nutritional strategies for intensively managed cattle during thermal stress. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 62, p. 543–554, 1986.

BEDOYA, O.D.M.; RÍOS, A.C.H.; HERRERA, L.G.G; VELÁSQUEZ, A.F.H.; MUÑOZ, M.C. Variance and covariance components and genetic parameters for fat and protein yield of first-lactation Holstein cows using random regression models. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, Medellín, v. 27, p. 253-263, 2014.

BERMAN, A.; FOLMAN, Y.M.; KAIM, M.; MAMEN, Z.; HERZ, D.; WOLFENSON, A.; GRABER, Y. Upper critical temperatures and forced ventilation effects for high-yielding dairy cows in a tropical climate. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 68, p. 488–495, 1985.

BIASSUS, I.D.O.; CABUCI, J.A.; COSTA, C.N.; RORATO, P.R.N.; BRACCINI NETO, J.B.; CARDOSO, L.L. Persistence in milk, fat and protein production of primiparous Holstein cows by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n.12, p. 2617–2624, 2010.

_____. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, n. 1, p. 85–94, 2011.

BIGNARDI, A.B.; EL FARO; L.; CARDOSO, V.L.; MACHADO, P.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 123, n. 1, p. 1–7, 2009.

BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; PEREIRA, R.J.; AYRES, D.R.; MACHADO, P.F.; ALBUQUERQUE, L.G.; SANTANA, M.L. JR. Reaction norm model to describe environmental sensitivity across first lactation in dairy cattle under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, Edinburgh, v. 47, p. 1405–1410, 2015.

BOBE, G.; BORMANN, J.A.M.; LINDBERG, G.L.; FREEMAN, A.E.; BEITZ, D.C. Short communication: estimates of genetic variation of milk fatty acids in us Holstein cows. **Journal of Dairy Science,** Champaign, v. 91, p. 1209–1213, 2008.

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; NORMAN, H.D.; LAWLOR, T.J. National genetic evaluation of milk yield for heat tolerance of United States Holsteins. **Interbull Bulletin**, Uppsala, v. 33, p. 160–162, 2005.

_____. Short communication: genotype by environment interaction due to heat stress. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 2, p. 840–846, 2008.

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

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

CARABAÑO, M.J.; BACHAGHA, K.; RAMÓN, M.; DÍAZ, C. Modeling heat stress effect on Holstein cows under hot and dry conditions: selection tools. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 97, n. 1999, p. 7889–7904, 2014.

CENTRO DE PESQUISAS METEOROLÍGICAS E CLIMÁTICAS APLICADAS À AGRICULTURA. Campinas. Disponível em: <http://www.cpa.unicamp.br/outras-informacoes/clima-dos-municipios-paulistas.html> Acesso em: 20 jan. 2016.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A.; MANSBRIDGE, R.M.; DOREAU, M. Ruminant milk fat plasticity: Nutritional control of saturated, polyunsatured, trans and conjugated fatty acids. **Annales de Zootechnie**, Les Ulis, v. 49, p. 181-205, 2000.

CLAEYS, W.L.; VAN LOEY, A.M.; HENDRICKX, M.E. Intrinsic time temperature integrators for heat treatment of milk. **Trends in Food Science & Technology**, Wageningen, v. 13, p. 293-311, 2002.

COLLIER, R.J.; ELEY, R.M.; SHARMA, A.K.; PEREIRA, R.M.; BUFFINGTON, D.E. Shade management in subtropical environment for milk yield and composition in Holstein and jersey cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 64, p. 844–849, 1981.

CORRALES, J.D.; MUNILLA, S; CANTET, R.C. Polynomial order selection in random regression models via penalizing adaptively the likelihood. **Journal of Animal Breeding and Genetics,** Berlin, v. 132, p. 281–288, 2015.

COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A.; QUAAS, R.L.; SEARLE, S.R. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 8, p. 2963–2974, 2000.

COSTA, C.N.; MELO, C.M.R.; PACKER, I.U.; FREITAS, A. F.; TEIXEIRA, N. M.; COBUCI, J. A. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 602-608, 2008

DEMEYER, D.; DOREAU, M. Targets and procedures for altering ruminant meat and milk lipids. **Proceedings of the Nutrition Society**, Cambridge, v. 58, p. 593-607, 1999.

DE ROSS, A.P.W.; HARBERS, A.G.F.; DE JONG, G. Random herd curves in a test – day model for milk, fat and protein production of dairy cattle in The Netherlands. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 2693–2701, 2004.

DRUET, T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D.; DUCROCQ, V. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, p. 2480–2490, 2003.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1104–1113, 2003.

ESPASANDIN, A.C.; URIOSTE, J.I.; CAMPOS, T.L.; ALENCAR, M.M. Interação genótipo × país para peso à desmama das populações angus do Brasil e Uruguai. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 40, p. 568–574, 2011.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

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

FLORES, E.B.; VAN DER WERF, J. Random regression test day models to estimate genetic parameters for milk yield and milk components in Philippine dairy buffaloes. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 132, p. 289–300, 2015.

GAUGHAN, J.B.; BONNER, S.; LOXTON, I.; MADER, T.L.; LISLE, A.; LAWRENCE, R. Effect of shade on body temperature and performance of feedlot steers. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 88, p. 4056–4067, 2010.

GELFAND, A.E.; GHOSH, S.K. Model choice: a minimum posterior predictive loss approach. **Biometrika**, London, v. 85, p. 1–11, 1998.

GLANTZ , M.; LINDMARK MÅNSSON, H.; STÅLHAMMAR, H.; BÅRSTRÖM, L.-O.; FRÖJELIN, M.; KNUTSSON, A.; TELUK, C.; PAULSSON, M. Effects of animal selection on milk composition and processability. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92 p. 4589–4603, 2009.

GRISHKEVICH, V.; YANAI, I. The genomic determinants of genotype x environment interactions in gene expression. **Trends in Genetics**, Cambridge, v. 29, n. 8, p. 479–487, 2013.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. **VCE:** user's guide and reference manual; version 6.0. 2008. 125 p. Disponível em: <ftp://ftp.tzv.fal.de/pub/vce6/doc/vce6-manual-3.1-A4.pdf> Acesso em: 06 ago. 2015.

HALLÉN, E.; ALLMERE, T.; NÄSLUND, J.; ANDRÉN, A.; LUNDÉN, A. Effect of genetic polymorphism of milk proteins on rheology of chymosin-induced milk gels. **International Dairy Journal**, Saint Louis, v. 17, p. 791–799, 2007.

HAMMAMI, H.; VANDENPLAS, J.; VANROBAYS, M.L.; REKIK, B.; BASTIN, C.; GENGLER, N. Genetic analysis of heat stress effects on yield traits, udder health, and fatty acids of Walloon Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 98, n. 3, p. 4956–4968, 2015.

HAMMAMI, H.; REKIK, B.; SOYEURT, H.; BASTIN, C.; STOLL, J.; GENGLER, N. Genotype x environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 9, p. 3661–3671, 2008.

HANSEN, P.J. Physiological and cellular adaptations of zebu cattle to thermal stress. **Animal Reproduction Science**, Amsterdam, v. 82/83, p. 349–360, 2004.

HAYES, B.J.; CARRICK, M.; GODDARD, M.E. Genotype x environment interaction for milk production of daughters of Australian dairy sires from test-day records. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, n. 11, p. 3736–3744, 2003.

HAYES, B.J.; BOWMAN, P.J.; CHAMBERLAIN, A.J.; SAVIN, K.; TASSELL, C.P. van; SONSTEGARD, T.S.; GODDARD, M.E. A validated genome wide association study to breed cattle adapted to an environment altered by climate change. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 4, n. 8, p. 1–8, 2009.

HAYES, K.C.; KHOSLA, D.R. Dietary fatty acids thresholds and cholesterolemia. **FASEB Journal**, Bethesda, v. 6, p. 2600–2607, 1992.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, p. 476-490, 1943.

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

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção da pecuária municipal.** Rio de Janeiro, 2013. v. 41, 108 p. Disponível em: < http://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2014_v42_br.pdf> Acesso em: 20 jan. 2016.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 80, n. 4, p. 762–770, 1997.

JENSEN, J. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, n. 12, p. 2803–2812, 2001.

KADZERE, C.T.; MURPHY, M.R.; SILANIKOVE, N.; MALTZ, E. Heat stress in lactating dairy cows: A review. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 77, p. 59–91, 2002.

KEYS, A.; ANDERSON, J.T.; GRANDE, F. Serum cholesterol response to change in the diet IV. Particular saturated fatty acids in the diet. **Metabolism**, Philadelphia, v. 14, p. 776–786, 1965.

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

LILLEHAMMER, M.; HAYES, B.J.; MEUWISSEN, T.H.E.; GODDARD, M.E. Gene by environment interactions for production traits in Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, n. 8, p. 4008–4017, 2009.

LILLEHAMMER, M.; ÁRNYASI, M.; LIEN, S.; OLSEN, H.G.; SEHESTED, E.; ODEGARD, J.; MEUWISSEN, T.H.E. A genome scan for quantitative trait locus by environment interactions for production traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 3482–3489, 2007.

LIN, H.; JIAO, H. C.; BUYSE, J.; DECUYPERE, E. Strategies for preventing heat stress in poultry. **World's Poultry Science Journal**, Beekbergen, v. 62, p. 71–86, 2006.

LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; BOLIGON, A.A.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M.A. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 54–60, 2008.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABANO, M. Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein – Friesian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 82, p. 81–96, 2003.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits.** Sunderland: Sinauer Associets, Inc. 1997. 980 p.

MEYER, K. "WOMBAT": digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings…** Belo Horizonte, 2006. (Communication, 27-14).

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 30, p. 221, 1998.

_____. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 65, p. 19–38, 2000.

MISZTAL, I. Model to study genetic component of heat stress in dairy cattle using national data. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, suppl. 1, p. 32, 1999.

MISZTAL, I.; BOHMANOVA, J.; FREITAS, M.; TSURUTA, S.; NORMAN, H. D.; LAWLOR, T.J. Issues in genetic evaluation of dairy cattle for heat tolerance. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings…** Belo Horizonte, 2006. (CD-ROOM).

MUASYA, T.K.; PETERS, K.J.; MAGOTHE, T.M.; KAHI, A.K. Random regression test-day parameters for first lactation milk yield in selection and production environments in Kenya. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 169, p. 27–34, 2014.

NARDONE, A.; VALENTINI, A. The genetic improvement of dairy cows in warm climates. In: GUESSOUS, F.; RIHANI, N.; ILHAM, A. (Ed.). **Livestock production and climatic uncertainty in the Mediterranean.** Wageningen: Wageningen Press, 2000. p. 185–191. (EAAP Publication, 94).

NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **A guide to environmental research on animals.** Washington: National Academy of Science, 1971. 374p.

OLORI, V.E.; HILL, W.G.; MCGUIRK, B.J. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 61, p. 53–63, 1999.

PANI, S. **Genetic x environment interaction in sire evaluation.** Missouri: University of Missouri, 1971. 138 p.

PARODI, P.W. Conjugated linoleic acid and other anticarcinogenic agents of bovine milk fat. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, p. 1339-1349, 1999.

PASCAL, G. Les apports quotidiens recommandes en lipids et en acides gras. **Oleagineaux Corps Gras Lipides,** Montrouge, v. 3, p. 205-210, 1996.

PAYNE, W.J.A.; HODGES, J. **Tropical cattle:** origin, breeds and breeding policies. Boston: Blackwell Science, 1997. 336p.

POOL, M.H.; MEUWISSEN, T.H.E. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 64, p. 133–145, 2000.

POOL, M.H.; JANSS, L.L.; MEUWISSEN, T.H. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, n. 11, p. 2640–2649, 2000.

RAVAGNOLO, O.; MISZTAL, I. Genetic component of heat stress in dairy cattle, parameter estimation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p. 2126–2130, 2000.

RAVAGNOLO, O.; MISZTAL, I.; HOOGENBOOM, G. Genetic component of heat stress in dairy cattle, development of heat index function. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, n. 9, p. 2120–2125, 2000.

RENAUDEAU, D.; COLLIN, A.; YAHAV, S.; BASILIO, V.; GOURDINE, J.L.; COLLIER, J. Adaptation to hot climate and strategies to alleviate heat stress in livestock production. **Animal**, Cambridge, v. 6, p. 707–728, 2012.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **SAS version 9.3.** Cary, 2011.

SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings…** Guelph, 1994. v. 18, p. 443-446.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **The Annals of Statistics**, Hayward, v. 6, n. 2 p. 461–464, 1978.

SCHENNINK, A.; STOOP, W.M.; VISKER, M.H.P.W.; HECK, J.M.L.; BOVENHUIS, H.; van der POEL, J. J.; van VALENBERG, H.J.; van ARENDONK, J.A.M. DGAT1 underlies large genetic variation in milk-fat composition of dairy cows. **Animal Genetic**, Oxford , v. 38, p. 467–473, 2007.

SCHENNINK, A.; HECK, J.M.L.; BOVENHUIS, H.; VISKER, M.H.P.W.; VALENBERG, H.J.F. van; ARENDONK, J.A.M. van. Milk Fatty Acid Unsaturation: genetic parameters and effects of Stearoyl-CoA Desaturase (SCD1) and Acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1). **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 2135–2143, 2008.

SOUSA, S.C.S. JR.; EL FARO, L.; BIGNARDI, A.B.; CARDOSO, V.L.; MACHADO, P.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Aplicação de modelos de regressão aleatória utilizando

diferentes estruturas de dados. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 11, p. 2058-2063, 2014.

SOYEURT, H.; DARDENNE, P.; DEHARENG, F.; BASTIN, C.; GENGLER, N. Genetic parameters of saturated and monounsaturated fatty acid content and the ratio of saturated to unsaturated fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 1974, p. 3611–3626, 2008.

SOYEURT, H.; GILLON, A.; VANDERICK, S.; MAYERES, P.; BERTOZZI, C.; GENGLER, N. Estimation of heritability and genetic correlations for the major fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 4435–4442, 2007.

STRABEL, T.; SZYDA, J.; PTAK, E.; JAMROZIK, J. Comparison of random regression test-day models for Polish black and white cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, n. 10, p. 3688–3699, 2005.

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

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

_____. Genome-wide association analysis to identify genotype × environment interaction for milk protein yield and level of somatic cell score as environmental descriptors in German Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, n. 1999, p. 7318–7324, 2013.

THOM, E.C. The discomfort index. **Weatherwise**, Boston, v. 12, p. 57–60, 1959.

WEDHOLM, A.; LARSEN, L.B.; LINDMARK MÅNSSON, H.; KARLSSON, A.H.; ANDRÉN, A. Effect of protein composition and the cheese-making properties of milk from individual dairy cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 3296–3305, 2006.

WINDIG, J.J.; MULDER, H.A.; BOHTHE-WILHELMUS, D.I.; VEERKAMP, R.F. Simultaneous estimation of genotype by environment interaction accounting for discrete and continuous environmental descriptors in Irish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, n. 6, p. 3137–3147, 2011.

YOUSEF, M.K. **Stress physiology in livestock: basic principles.** Boca Raton: CRC Press, 1985. v. 1