

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA  
SETOR DE ENGENHARIAS, CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIAS  
DEPARTAMENTO DE ZOOTECINA

EMANUELI DE FÁTIMA PEREIRA DA SILVA

INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE VIA NORMAS DE REAÇÃO NA CONTAGEM  
DE CÉLULAS SOMÁTICAS DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

PONTA GROSSA

2021

EMANUELI DE FÁTIMA PEREIRA DA SILVA

INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE VIA NORMAS DE REAÇÃO NA CONTAGEM  
DE CÉLULAS SOMÁTICAS DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado  
para obtenção do título de bacharel em  
Zootecnia da Universidade Estadual de Ponta  
Grossa, Área de Zootecnia

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Ricardo Vicari  
Coorientador: Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

PONTA GROSSA

2021

## **FOLHA DE APROVAÇÃO**

EMANUELI DE FÁTIMA PEREIRA DA SILVA

INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE VIA NORMAS DE REAÇÃO NA CONTAGEM  
DE CÉLULAS SOMÁTICAS DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado para obtenção do título de grau  
pretendido na Universidade Estadual de Ponta Grossa, Área de Zootecnia

Ponta Grossa, 22 de novembro de 2021.

Prof. Dr. Marcelo Ricardo Vicari

Orientador – Universidade Estadual de Ponta Grossa

Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

Membro da banca – Universidade Estadual de Ponta Grossa

MSc. Henrique Alberto Mulim

Membro da banca – Universidade Federal da Bahia

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus por ter colocado pessoas maravilhosas no meu caminho que me ajudaram a tornar esse sonho realidade.

A minha mãe Delair por sempre me incentivar e investir na minha carreira acadêmica sempre acreditando que eu seria capaz de superar os desafios que a vida me proporcionou.

Ao meu marido Marcelo por todo incentivo e apoio durante toda essa jornada.

Aos meus irmãos Lucieli, Francieli, Adrieli e Rafael.

Aos meus Sogros, Sobrinhos e Cunhados.

Ao Prof.º Dr.º Marcelo por ter me aceitado como sua orientada.

Aos membros da banca.

Ao Prof.º Dr.º Victor por ter me acolhido em sua equipe e por todas as oportunidades, incentivos e ensinamentos.

Aos integrantes do grupo LeMA por todo apoio desde o meu início no grupo.

A todos os Professores que contribuíram com a minha formação profissional e pessoal durante toda a minha vida.

A UEPG pela oportunidade de estudo e vivência.

Ao CNPq pela concessão da bolsa e auxílio durante o desenvolvimento do projeto de iniciação científica.

A Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pela concessão dos dados.

## RESUMO

A mastite é uma das doenças mais graves da produção de bovinos leiteiros, pelo elevado custo de tratamento, descarte do leite e diminuição na produção. A seleção para resistência a essa inflamação é realizada através do escore de células somáticas, pela facilidade de coleta dos dados e pela distribuição normal dos dados que o escore de células somáticas proporciona. Com o avanço das biotecnologias reprodutivas e maior disseminação de materiais genéticos tornou-se necessário analisar a influência que o ambiente exerce na expressão desse fenótipo em bovinos leiteiros. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito da interação genótipo-ambiente, via normas de reação, nas estimativas de herdabilidade, correlações genéticas e valores genéticos para o escore de células somáticas em animais da raça Holandesa do estado do Paraná. Foram utilizados dados de 67.206 vacas primíparas, provenientes do banco de dados de controle leiteiro da APCBRH - Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa. Para a realização das análises de normas de reação, foi utilizado o software WOMBAT, considerando-se uma divisão regional por temperatura ambiental, variando de 17°C a 19.5°C. O modelo adotado para análise da interação genótipo-ambiente, via normas de reação, através de regressão aleatória, assumiu a quarta ordem, sob polinômios de Legendre. Os valores de herdabilidade indicaram magnitude baixa a moderada e variaram em todas as temperaturas, essa variação foi de 0.17 a 0.23, sendo que o maior valor foi encontrado na temperatura de 19.5°C. As correlações encontradas apresentaram-se com valores altos e positivos, maiores que 0.80. De acordo com os valores encontrados é possível realizar seleção para resistência a mastite através de escore de células somáticas, notando-se que a característica não sofre grande influência ambiental. Os altos valores de correlação indicam que a temperatura não afeta de forma direta a característica. O estudo mostrou que não houve efeito de interação genótipo ambiente para a característica de escore de células somáticas em bovinos da raça Holandesa, entre as diferentes regiões climáticas avaliadas no estado do Paraná.

**Palavras-Chave:** Mastite. Escore de células somáticas. Herdabilidade. Correlação. Valor genético.

## ABSTRACT

Mastitis is one of the most serious diseases in the production of dairy cattle, due to the high cost of treatment, milk disposal and reduced production. Selection for resistance to this inflammation is performed through the somatic cell score, the ease of data collection and the normal distribution of data that the somatic cell score provides. With the advancement of reproductive biotechnologies and greater dissemination of genetic materials, it became necessary to analyze the influence that the environment exerts on the expression of this phenotype in dairy cattle. Thus, the objective of the present work was to evaluate the effect of the genotype-environment interaction, via reaction norms, on heritability estimates, genetic correlations and genetic values for the somatic cell score in Holstein animals from the state of Paraná. Data from 67,206 primiparous cows were used, from the dairy control database of APCBRH – Paraná Holstein Breeders Association. To carry out the analysis of reaction norms, the WOMBAT software was used, considering a regional division by ambient temperature, ranging from 17°C to 19.5°C. The model adopted for the analysis of the genotype-environment interaction, via reaction norms, through random regression, assumed the fourth order, under Legendre polynomials. The heritability values indicated low to moderate magnitude and varied at all temperatures, this variation was from 0.17 to 0.23, with the highest value being found at the temperature of 19.5°C. The correlations found presented high and positive values, greater than 0.80. According to the values found, it is possible to perform selection for resistance to mastitis through a somatic cell score, noting that the characteristic does not suffer great environmental influence. High correlation values indicate that temperature does not directly affect the trait. The study showed that there was no environmental genotype interaction effect for the somatic cell score characteristic in Holstein cattle, among the different climatic regions evaluated in the state of Paraná.

**Keywords:** Mastitis. Somatic cell score. Productive performance. Heritability. Correlation. Genetic value.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Comportamento dos coeficientes de herdabilidades conforme o aumento do gradiente de temperatura regional ..... 17
- Figura 2 - Correlação genética entre os gradientes de temperatura ambiental e escore de células somáticas em vacas holandesas do sul do brasil ..... 18
- Figura 3 - Valores genéticos dos 15 principais touros utilizados no estado do paran  e a sua intera o com o aumento da temperatura ambiental. .... 20

## LISTAS DE TABELA

- Tabela 1 – Estatísticas descritivas das medias e por gradiente de temperatura para escore de células somáticas em bovinos da raça holandesa no estado do paraná..... 14
- Tabela 2 – Variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ), variância genética ( $\sigma^2_a$ ), nos diferentes gradientes de temperatura para escore de células somáticas na raça holandesa no estado do paraná..... 16

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

APCBRH	Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa
CCS	Contagem de Células Somáticas
ECS	Escore de Células Somáticas
GC	Grupo de Contemporâneos
GxE	Interação genótipo x ambiente
$h^2$	Herdabilidade
IN	Instrução Normativa

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	10
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	12
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	14
3.1 ESTATÍSTICAS DESCRITIVAS .....	14
3.2 VARIÂNCIA .....	15
3.3 HERDABILIDADE .....	16
3.4 CORRELAÇÃO .....	17
3.5 VALORES GENÉTICOS .....	19
<b>4 CONCLUSÕES</b> .....	21
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	22

## 1 INTRODUÇÃO

A mastite é uma das doenças infecciosas mais graves no rebanho bovino leiteiro mundial pois afeta diretamente a glândula mamária (DURÁN AGUILAR *et al.*, 2017; GOVIGNON-GION *et al.*, 2016). Além de ocorrer de forma frequente, essa enfermidade é onerosa para cadeia devido ao elevado custo de tratamento, redução na produção e descarte do leite (COSTA *et al.*, 2015). Adicionalmente, há o risco de resistência dos animais a antibióticos (WEIGEL; SHOOK, 2018), além de comprometer o bem estar do animal acometido (MARTIN *et al.*, 2018).

As células somáticas compreendem células sanguíneas, epiteliais e do sistema imunológico que migram para o leite, na tentativa de combater a infecção (WEIGEL; SHOOK, 2018). O declínio na produção de leite ocorre quando há aumento da contagem de células somáticas (CCS), decorrente da variação da permeabilidade vascular em resposta a inflamação (COSTA *et al.*, 2019), causada principalmente pela entrada de patógenos no úbere (MALEK DOS REIS *et al.*, 2013), sendo os mais importantes em relação a mastite contagiosa *Streptococcus agalactiae* e *Staphylococcus aureus* (RUEGG, 2017). Além da correlação negativa entre produção de leite e mastite (-0.502 a -0.183) (ARASH *et al.*, 2016).

Levando em consideração que a resistência à mastite possui baixa herdabilidade ( $h^2$ ), desde o final da década de 1970 a seleção é realizada levando em consideração a CCS sendo ela um indicador fenotípico mais herdável que a mastite, geralmente expressa em escore de células somáticas (ECS), (ALAM *et al.*, 2015; WANG *et al.*, 2015; MARTIN *et al.*, 2018) pois a correlação entre elas apresenta magnitude elevada (BOBBO *et al.*, 2018; DURÁN AGUILAR *et al.*, 2017; GOVIGNON-GION *et al.*, 2016) e pela distribuição normal dos dados, que acarreta em uma maior facilidade de utilização dos dados. Adicionalmente, devido a facilidade na coleta de informações de ECS, as quais são periodicamente avaliadas nas análises de leite, os dados armazenados possibilitam avaliações acuradas dos parâmetros genéticos para a característica em questão (ZHAO *et al.*, 2015; STREIT *et al.*, 2012).

Por conta da ECS ser uma característica dependente do ambiente, é fundamental boas condições de manejo, nutrição e principalmente, sanitárias como higiene e saúde do úbere, para um controle eficaz dos níveis de CCS (TIEZZI *et al.*, 2017; STREIT *et al.*, 2013). Os aspectos ambientais afetam diretamente o bem-estar, refletindo no desempenho produtivo dos animais, sendo que os que passam por

ausência de conforto térmico têm a sua produção e reprodução afetada de forma negativa (NASR; EL-TARABANY, 2017; HAMMAMI *et al.*, 2013).

Os aspectos genéticos que devem ser observados para esta característica incluem os efeitos de interação genótipo x ambiente (GxE) existentes, os quais podem ser determinantes no desempenho da característica em questão (RIBEIRO *et al.*, 2015). A GxE refere-se às diferentes respostas genéticas de um fenótipo em ambientes distintos (STREIT *et al.*, 2012), sendo importante na tomada de decisão de quais animais melhor se adaptam ao clima em questão (SILVA *et al.*, 2021), visto que a variação de temperatura pode afetar a produção animal (HAMMAMI *et al.*, 2013; MULIM *et al.*, 2021). A realização de estudos sobre GxE se tornou importante com o avanço das biotecnologias reprodutivas, como a inseminação artificial, que possibilitou que o material genético dos touros fossem usados em diferentes partes do mundo (SILVA *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2014). Nesses estudos, dependendo da adaptabilidade do animal aos diferentes ambientes, os resultados podem ser diferentes dos esperados pelos criadores e selecionadores.

A GxE pode ser analisada por meio de normas de reação, sendo uma das metodologias utilizadas para identificar a existência ou não das interações através da demonstração da resposta de um genótipo em diferentes ambientes (MULIM *et al.*, 2021; RIBEIRO *et al.*, 2015). Modelos de normas de reação têm sido usados para descrever efeitos que se alteram em uma escala contínua e de forma gradual, sendo utilizados para avaliar o comportamento genético em regiões de destacada mudança de temperatura e/ou relevo (ISMAEL *et al.*, 2016; STREIT *et al.*, 2012; SILVA *et al.*, 2021; CHERUIYOT *et al.*, 2020). Dentro deste contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito da interação genótipo-ambiente, via normas de reação, para o escore de células somáticas em animais da raça Holandesa do estado do Paraná.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 67.206 vacas primíparas da raça Holandesa, nascidas entre 1990 e 2015, provenientes do banco de dados da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa do estado do Paraná (APCBRH), coletados através do Controle Leiteiro Oficial, para a característica de ECS. Foram eliminados do banco de dados, animais com idade ao parto menor que 18 ou maior que 48 meses e a determinação do grupo de contemporâneos (GC) foi baseada na classificação dos indivíduos que apresentaram mesmo ano de nascimento, estação de nascimento e fazenda. Sendo que, os grupos de contemporâneos que apresentaram menos de 3 observações foram eliminados do banco de dados. Após a edição de dados, animais cujos registros se apresentaram errôneos, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos, progênie de touros que só aparecem em um rebanho foram descartadas.

Para a realização das análises de normas de reação, foi utilizado o software WOMBAT (MEYER, 2007), através de um modelo de regressão aleatória, considerando-se a divisão regional do estado do Paraná de acordo com a temperatura ambiente média anual, variando entre 17°C e 19,5°C segundo o trabalho de Alvares et al., (2013). Os parâmetros genéticos foram estimados por uma função linear contínua dos valores ambientais, neste caso, as temperaturas, subdivididas a cada 0,5°C. O programa implementou a metodologia proposta por Su *et al.* (2006) em que as soluções das regiões são estimadas simultaneamente com outros parâmetros do modelo para serem utilizadas como covariáveis e assim obter as normas de reação. A contagem de células somáticas foi transformada em SCS para atingir normalidade e homogeneidade de variância, seguindo a fórmula:  $SCS = \log_2 (\text{contagem de células somáticas} / 100.000) + 3$

O modelo adotado para análise da interação genótipo-ambiente, via normas de reação, através de regressão aleatória, assumiu a quarta ordem, sob polinômios de Legendre, sendo esses polinômios escolhidos por promover melhor propriedades de convergência dos dados em regressões ortogonal, como exposto no trabalho de Schaeffer (2004).

O modelo de normas de reação, via regressão aleatória, pode ser descrito como:

$$y_{ij} = \sum_{k=0}^{k=4} b_{jk} \phi_k(j) + \sum_{k=0}^{k=4} a_{ik} \phi_k(j) + e_{ij}$$

em que,  $y_{ij}$  é a resposta genética para característica em avaliação do animal  $i$  sob o gradiente de temperatura  $j$ ;  $b_{jk}$  é o efeito do coeficiente de regressão fixo associado ao polinômio de Legendre  $k$ ;  $a_{ik}$  é o efeito do coeficiente de regressão aleatória  $k$  do efeito direto genético aditivo atribuído ao animal  $i$ ;  $\phi_k(j)$  é o polinômio de Legendre associado ao nível do gradiente de temperatura exposto o animal  $i$ ;  $k$  é a ordem dos polinômios de Legendre, sendo ajustado a quarta ordem;  $e_{ij}$  é associado ao resíduo da observação  $y_{ij}$ .

Para a regressão dos touros ao longo dos gradientes, as estimativas do valor genético nos níveis  $t$  do gradiente ambiental na análise do comportamento genético foram dados pela média ponderada do valor genético das filhas de cada touro em cada nível de temperatura. Um subconjunto de dados com informações dos touros presentes em todos os gradientes ambientais foi formado para apresentar uma representação mais confiável do valor genético em cada gradiente de temperatura. Para essas análises, foram considerados 15 touros com maior número de filhas distribuídas pelo estado do Paraná.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 ESTATÍSTICAS DESCRITIVAS

As medidas descritivas gerais e por gradiente de temperatura estão apresentadas na Tabela 1. Podemos observar que a média geral de ECS apresentou variação entre 2,50 a 2,93 à medida que houve aumento da temperatura regional, essa variação representa em números de CCS 70.500 cels/ml a 95.000 cels/ml de leite, sendo que a menor CSS foi encontrada na temperatura de 17,5°C, e a maior foi identificada no gradiente de temperatura 19,5°C. Como apresentado, foram encontrados animais com escore 0 em todas as regiões, ou seja, com a quantidade de CCS menor que 12.500 cel/ml de leite.

Tabela 1 – Estatísticas descritivas das medias e por gradiente de temperatura para escore de células somáticas em bovinos da raça holandesa no estado do paraná.

	N	Média	D.P	Min.	Max.
Total	67.206	2,66	1,48	0,00	8,52
Temperatura (°C)	N	Média	D.P	Min.	Max.
17,0	19.150	2,78	1,51	0,00	8,52
17,5	29.072	2,50	1,42	0,00	8,34
18,0	1.954	2,70	1,44	0,00	7,35
18,5	1.138	2,83	1,50	0,00	7,91
19,0	14.350	2,80	1,51	0,00	8,42
19,5	1.542	2,93	1,48	0,00	8,07

N= número de vacas incluídos na análise

D.P= desvio padrão

Min.= rendimento mínimo

Max.= rendimento máximo

Fonte: A autora

A região mais ao sul do estado, possui tradicionais bacias leiteiras (PAULA *et al.*, 2009), como a cidade de Castro, considerada a Capital nacional do leite, onde os produtores que fornecem seus produtos para cooperativas possuem o incentivo para produção de leite com maior qualidade (MULIM *et al.*, 2021). Tal fato pode explicar os valores de ECS mais baixos encontrados nos gradientes de temperatura 17,0°C; 17,5°C e 18,0°C, que correspondem a região sul do estado do Paraná. Nas temperaturas mais elevadas, 18,5°C; 19,0°C e 19,5°C, as médias de ECS foram maiores, isso pode ter ocorrido pois em regiões com altas temperaturas os animais

apresentam um declínio na ingestão de alimento, produção de leite e seus componentes (proteína e gordura) e consequentemente aumento no ECS (LAMBERTZ; SANKER; GAULY, 2014).

Considerando que os valores aceitáveis de CCS no Brasil são de 500 mil cels/mL de acordo com a Instrução Normativa - IN nº 77 (2018) observamos que nos gradientes de temperatura avaliados a média de CCS está abaixo do valor máximo exigidos pela nova legislação, pois o maior valor encontrado foi 95.000 cels/ml no gradiente 19,5°C Isso se deve ao fato de que os dados foram provenientes de produtores com elevado nível técnico e, por consequência, com melhor controle de qualidade do leite, além da utilização das boas práticas na fazenda que contribuem para redução do risco de infecção (STREIT *et al.*, 2012; MARTIN *et al.*, 2018).

### 3.2 VARIÂNCIA

Os valores de variância nos diferentes gradientes de temperatura para ECS estão apresentados na Tabela 2. As variâncias ambientais ( $\sigma^2_e$ ) apresentaram-se com maiores valores que a variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), em todas as temperaturas, sendo que o maior valor de variância ambiental foi observado na temperatura 18.5°C, e o menor no gradiente 17.5°C, o que coincide com o maior e menor valor da variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ).

Os valores de variância genética aditiva não seguem esse padrão, pois seu maior valor está localizado na temperatura 19.5°C e o menor em 18°C, sendo que baixos valores de variância genética aditiva são responsáveis pelos baixos valores de herdabilidade (SANTOS *et al.*, 2020). A variação dos valores de variância nas temperaturas se dá pela diferença genética da população e ambiente onde esses animais estão inseridos (PAULA *et al.*, 2009), sendo que em locais onde o controle ambiental é mais intensivo as variâncias ambientais podem ser minimizadas (MOREIRA *et al.*, 2019).

Tabela 2 – Variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ), variância genética ( $\sigma^2_a$ ), nos diferentes gradientes de temperatura para escore de células somáticas na raça holandesa no estado do Paraná.

Temperatura (°C)	$\sigma^2_p$	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_a$
17,0	1,81	1,45	0,36
17,5	1,64	1,32	0,32
18,0	1,67	1,37	0,30
18,5	1,78	1,48	0,31
19,0	1,75	1,41	0,34
19,5	1,84	1,43	0,40

Fonte: A autora

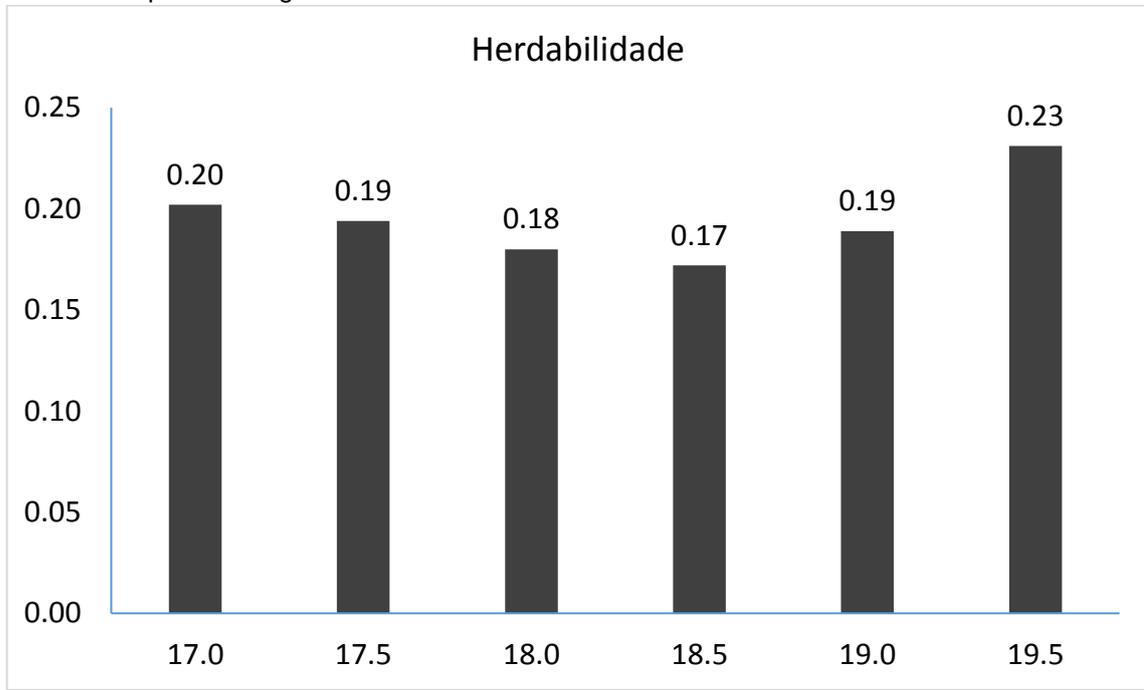
### 3.3 HERDABILIDADE

O comportamento das herdabilidades ao aumento da temperatura regional está apresentado na figura 1. Os valores de  $h^2$  apresentaram mudanças em todos os gradientes de temperatura, variando de 0,17 a 0,23. Sendo que nas temperaturas de 17° C a 18.5°C ela apresentou-se em queda, de 0,20 para 0,17. No gradiente de 19°C ela voltou a subir, sendo que no gradiente de temperatura 19.5°C ela apresentou-se em maior magnitude (0,23). As herdabilidades encontradas no presente estudo apresentaram-se com moderada a baixa magnitude. Mesmo com os baixos valores de herdabilidade é possível realizar seleção genética baseada na ECS (VAN DER LAAK *et al.*, 2016; FINOCCHIARO *et al.*, 2018).

Valores semelhantes de  $h^2$  foram encontrados em trabalhos com rebanhos no Brasil, como apresentado por Padilha *et al.* (2019) avaliando animais de diferentes estados brasileiros, em que a herdabilidade variou de 0.06 a 0.14. Na Coreia do Sul, foram apresentados valores ao redor de 0,21, em vacas primiparas (ALAM *et al.*, 2015), e na República Tcheca, onde o valor de herdabilidade foi de 0.23 (ZAVADILOVÁ *et al.*, 2015). Baixos valores de herdabilidade estão relacionados com maiores valores de variância ambiental (MOREIRA *et al.*, 2019), o que indica alta interferência do ambiente na característica. Na literatura os valores de herdabilidade para ECS variam de magnitude moderada a baixa (COSTA *et al.*, 2015), com isso podemos observar que os valores apresentados nesse trabalho estão dentro dessa

variação, sendo que no gradiente 19.5 o valor encontrado foi maior, o que pode estar relacionado a escolha do polinômio utilizado na análise.

Figura 1 - Comportamento dos coeficientes de herdabilidades conforme o aumento do gradiente de temperatura regional



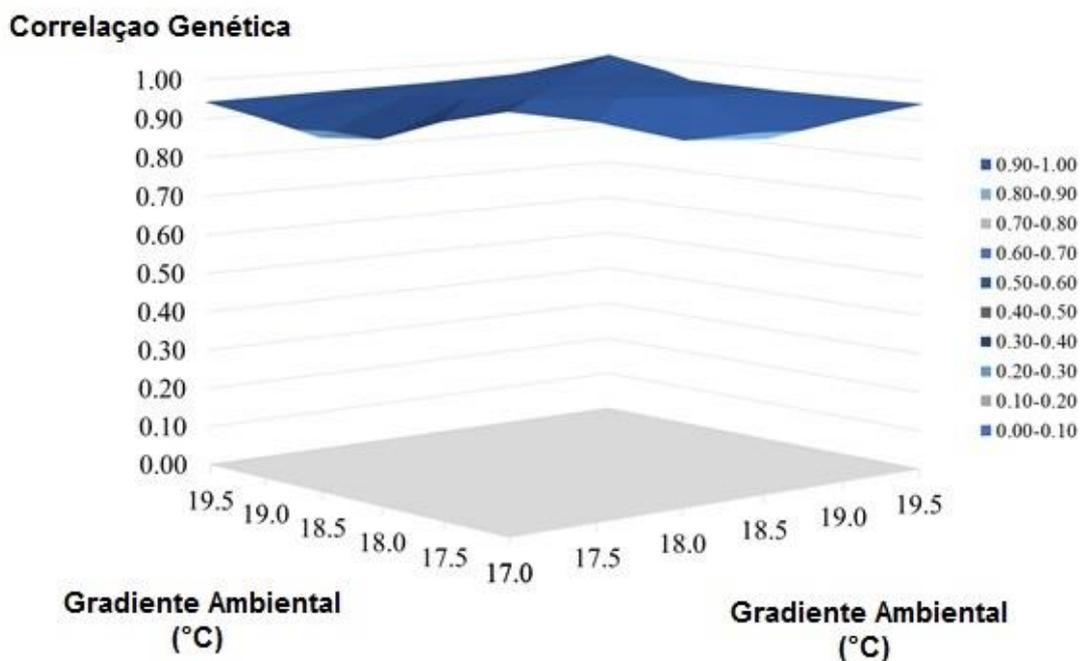
Fonte: A autora

### 3.4 CORRELAÇÃO

A correlação genética entre gradientes ambientais, utilizado para analisar a existência de interação genótipo ambiente, é apresentado na Figura 2. Podemos observar que em todos os gradientes foram encontradas correlação positivas e elevadas, sendo que a menor correlação encontrada foi 0,89 nas regiões de 17°C e 19,5°C. Também foram encontradas correlações próximas as máximas (0,99) entre os gradientes de 17,5°C, 18°C, 18,5°C e 19°C. A realização da estimativa da correlação genética entre diferentes ambientes serve como parâmetro de indicação se há ou não a presença de G×E (SILVA *et al.*, 2021), sendo uma informação importante na seleção de animais tolerantes ao ambiente de destino (CHERUIYOT *et al.*, 2020). Quando os valores de correlação genética entre diferentes regiões são menores que 0,80 (ROBERTSON, 1959) , representa que há efeito interação GXE entre os diferentes locais e, portanto, os mesmos genótipos apresentam-se de maneira distinta entre os diferentes ambientes (ISMAEL *et al.*, 2016). Assim como, elevados valores de correlação, acima de 0,80, indicam que a interação genótipo

ambiente é baixa ou nula (VAN DER LAAK *et al.*, 2016), o que nos mostra que a manifestação genética da característica avaliada não é afetada nas diferentes temperaturas. Sendo assim podemos afirmar que não há interação GXE no escore de células somáticas em animais da raça Holandesa criadas no estado do Paraná, e que a mudança de temperatura nas diferentes regiões do estado não interfere na expressão da característica em questão.

Figura 2 - Correlação genética entre os gradientes de temperatura ambiental e escore de células somáticas em vacas holandesas do Sul do Brasil



Fonte: A autora

Calus *et al.* (2006) ao avaliarem os valores de CCS em bovinos leiteiros, em diferentes fases de lactação, encontraram correlações moderadas, variando de 0,43 a 0,57, demonstrando existir efeito de interação genótipo x ambiente para a referida população, entre a característica de CCS e dias em leite Ainda, Streit *et al.* (2013), utilizando informações genômicas para a identificação de efeitos de GxE observaram que alguns genes envolvidos com a CCS apresentaram uma maior sensibilidade ambiental. Em estudo realizado por Atrian-Afiani *et al.* (2021), avaliando o comportamento do ECS em diferentes zonas climáticas (frio, semi-frio e moderado) em animais raça Holandesa, obtiveram correlações genéticas que variaram entre 0,75 e 0,88, indicando a presença do efeito de interação genótipo x ambiente, com influência significativa na característica em alguns gradientes ambientais. Mulder *et*

*al.* (2004), ao avaliarem a resposta do ECS a diferentes manejos de ordenha encontraram valores elevados de correlação genética variando entre 0,79 e 0,95. Tais resultados apresentados na literatura reforçam a tese de que os efeitos de GxE devem ser testados em cada situação distinta, pois variam de população para população e de ambiente para ambiente.

### 3.5 VALORES GENÉTICOS

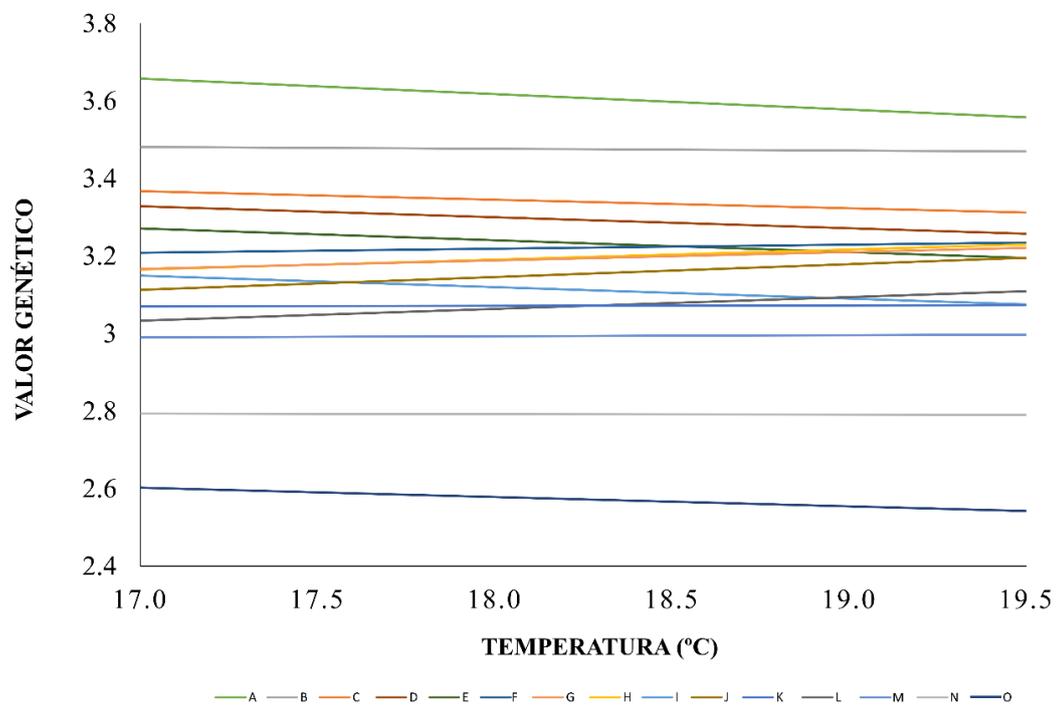
Os valores genéticos dos 15 principais touros utilizados no estado do Paraná e a sua interação com o aumento da temperatura ambiental são apresentados na Figura 3. Nela são apresentadas as normas de reação para a característica de escore de células somáticas, onde no eixo X apresenta o gradiente de temperatura (°C) e o eixo Y os valores genéticos dos animais para a característica ECS. No gráfico de normas de reação é apresentado como o genótipo se expressa em resposta ao ambiente (STREIT *et al.*, 2012). Ao observarmos o comportamento do valor genético com o aumento da temperatura podemos notar que alguns animais se mantiveram constantes e outros apresentaram leve alteração dos valores genéticos. Os animais que apresentaram valores genéticos constantes ou com pequenas variações a medida que há mudanças no gradiente ambiental são definidos como animais robustos, assim como os que exibiram maior variação do seu valor genético em relação aos demais são considerados plásticos (BONNELL *et al.*, 2015; DINGEMANSE; WOLF, 2013; STREIT *et al.*, 2012; BOHLOULI *et al.*, 2014).

Os touros B, K, M e N se apresentaram com a característica robusta, apresentando-se com pouca ou nenhuma variação em seus valores genéticos. Em contrapartida observamos variações nos valores genéticos dos touros com decréscimo de até 0,793, e acréscimo em até 0,258, se mostrando como animais com comportamento genético plástico, sendo que os touros que apresentaram maior variação para a característica estudada foram A, G, H, I, J, e O. Essas diferenças genotípicas podem ser decorrentes da expressão de alelos em ambientes específicos, em resposta a adaptação do organismo ao ambiente (BOHLOULI *et al.*, 2014).

O comportamento dos valores genéticos em relação as diferenças ambientais contribuem para um re-ranqueamento dos touros entre os ambientes avaliados (HAYES; DAETWYLER; GODDARD, 2016; MULIM *et al.*, 2021), e isso se dá em resposta da mudança climática e expressão do genótipo desses animais nos diferentes ambientes (BOHLOULI *et al.*, 2019). Podemos notar que os touros E, F, G

e H foram levemente reclassificadas, porém sem grande impacto na reclassificação dos touros, apenas com alterações pontuais. O touro E teve seu valor genético alterado devido ao aumento da temperatura, onde seu potencial genético foi diminuído, em comparação ao demonstrado na temperatura 17°C. Diferente do que ocorreu com os touros F, G e H que apresentaram acréscimo no valor genético à medida que a temperatura elevou.

Figura 3 - Valores genéticos dos 15 principais touros utilizados no estado do Paraná e a sua interação com o aumento da temperatura ambiental.



Fonte: A autora

## 4 CONCLUSÕES

As herdabilidades apresentaram magnitudes moderadas a baixas, indicando que a característica escore de célula somática pode ser utilizada como critério indireto de seleção para mastite. As correlações genéticas entre os gradientes ambientais avaliados foram altas demonstrando que o efeito de interação genótipo ambiente não é relevante no desempenho genético dos animais avaliados para a característica de escore de células somáticas. A partir dos resultados apresentados podemos observar que a expressão genética para a característica avaliada não sofre grandes influencias ambientais.

Os valores genéticos dos touros avaliados apresentaram leves variações de acordo com o aumento do gradiente de temperatura. No entanto, devido à ausência de efeito significativo de GXE e a modificação apenas pontual de classificação genética de alguns touros, conclui-se que não é necessária a inclusão do efeito de GXE no modelo de análise genética para a característica de escore de células somáticas em bovinos leiteiros criados no estado do Paraná.

## REFERÊNCIAS

- ALAM, M. et al. Estimation of Genetic Parameters for Somatic Cell Scores of Holsteins Using Multi-trait Lactation Models in Korea. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 28, n. 3, p. 303–310, mar. 2015.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2013.
- ARASH, C. et al. Relações genéticas e ambientais entre produção de leite e tipos diferentes de mastite e hiperqueratose em vacas holandesas. **Animal Sciences**, v. 38, n. 2, p. 191–196, 2016.
- ATRIAN-AFIANI, F. et al. Genotype by climate zone interactions for fertility, somatic cell score, and production in Iranian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 2021.
- BOBBO, T. et al. Alternative somatic cell count traits exploitable in genetic selection for mastitis resistance in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 11, p. 10001–10010, 2018.
- BOHLOULI, M. et al. Interaction between genotype and geographical region for milk production traits of Iranian Holstein dairy cattle. **Livestock Science**, v. 169, n. C, p. 1–9, 2014.
- BOHLOULI, M. et al. Prediction accuracies and genetic parameters for test-day traits from genomic and pedigree-based random regression models with or without heat stress interactions. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 1, p. 488–502, jan. 2019.
- BONNELL, T. et al. Network reaction norms: taking into account network position and network plasticity in response to environmental change. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 12, p. 9834–9844, 2015.
- CALUS, M. P. L.; JANSS, L. L. G.; VEERKAMP, R. F. Genotype by environment interaction for somatic cell score across bulk milk somatic cell count and days in milk. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 12, p. 4846–4857, 2006.
- CHERUIYOT, E. K. et al. Genotype-by-environment (temperature-humidity) interaction of milk production traits in Australian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 3, p. 2460–2476, 2020.
- COSTA, A. et al. Heritability and repeatability of milk lactose and its relationships with traditional milk traits, somatic cell score and freezing point in Holstein cows. **Animal**, v. 13, n. 5, p. 909–916, 2019.
- COSTA, C. N. et al. Genetic parameters for test day somatic cell score in Brazilian Holstein cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 19117–19127, 2015.
- DINGEMANSE, N. J.; WOLF, M. SPECIAL ISSUE: BEHAVIOURAL PLASTICITY AND EVOLUTION Between-individual differences in behavioural plasticity within populations: causes and consequences SPECIAL ISSUE: BEHAVIOURAL PLASTICITY AND EVOLUTION. **Animal Behaviour**, v. 85, n. 5, p. 1031–1039, 2013.
- DURÁN AGUILAR, M. et al. Genome-wide association study for milk somatic cell score in holstein cattle using copy number variation as markers. **Journal of Animal**

**Breeding and Genetics**, v. 134, n. 1, p. 49–59, 2017.

FINOCCHIARO, R. et al. Alternative use of Somatic Cells Counts in genetic selection for mastitis resistance: a new estimated breeding value for Italian Holstein breed. **Interbull Bulletin**, v. 0, n. 53, p. 10–12, 2018.

GOVIGNON-GION, A. et al. Multiple trait genetic evaluation of clinical mastitis in three dairy cattle breeds. **Animal**, v. 10, n. 4, p. 558–565, 2016.

HAMMAMI, H. et al. Evaluation of heat stress effects on production traits and somatic cell score of Holsteins in a temperate environment. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 3, p. 1844–1855, 2013.

HAYES, B. J.; DAETWYLER, H. D.; GODDARD, M. E. Models for genome  $\times$  Environment interaction: Examples in livestock. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2251–2259, 2016.

ISMAEL, A. et al. Genotype by environment interaction for the interval from calving to first insemination with regard to calving month and geographic location in Holstein cows in Denmark and Sweden. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 7, p. 5498–5507, 2016.

LAMBERTZ, C.; SANKER, C.; GAULY, M. Climatic effects on milk production traits and somatic cell score in lactating Holstein-Friesian cows in different housing systems. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 1, p. 319–329, 2014.

MALEK DOS REIS, C. B. et al. Effect of somatic cell count and mastitis pathogens on milk composition in Gyr cows. **BMC Veterinary Research**, v. 9, 2013.

MARTIN, P. et al. Symposium review: Novel strategies to genetically improve mastitis resistance in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 3, p. 2724–2736, 2018.

MEYER, K. WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University. Science. B.**, v. 8, n. 11, p. 815–821, 2007.

MOREIRA, R. P. et al. Evaluation of genotype by environment interactions on milk production traits of Holstein cows in southern Brazil. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 4, p. 459–466, 2019.

MULDER, H. A. et al. Genotype  $\times$  environment interaction for yield and somatic cell score with automatic and conventional milking systems. **Journal of Dairy Science**, v. 87, n. 5, p. 1487–1495, 2004.

MULIM, H. A. et al. Genotype by environment interaction for somatic cell score in Holstein cattle of southern Brazil via reaction norms. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 34, n. 4, p. 499–505, 2021.

NASR, M. A. F.; EL-TARABANY, M. S. Impact of three THI levels on somatic cell count, milk yield and composition of multiparous Holstein cows in a subtropical region. **Journal of Thermal Biology**, v. 64, p. 73–77, 2017.

PADILHA, A. H. et al. Genetic trends and genetic correlations between 305-day milk yield, persistency and somatic cell score of Holstein cows in Brazil using random regression model. **Animal Production Science**, v. 59, n. 2, p. 207–215, 2019.

PAULA, M. C. DE et al. Interação genótipo  $\times$  ambiente para produção de leite de

bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 3, p. 467–473, 2009.

RIBEIRO, S. et al. Genotype × environment interaction for weaning weight in Nellore cattle using reaction norm analysis. **Livestock Science**, p. 1–7, 2015.

ROBERTSON, A. Experimental design on the mensuarement of heritabil- ities and genetic correlations. 15, 219–226, 1959

RUEGG, P. L. A 100-Year Review: Mastitis detection, management, and prevention. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 12, p. 10381–10397, 2017.

SANTOS, J. C. et al. Genotype-environment interaction for productive traits of Holstein cows in Brazil described by reaction norms. **Tropical Animal Health and Production**, v. 52, n. 5, p. 2425–2432, 2020.

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

SILVA, D. A. et al. Genotype by environment interaction for Holstein cattle populations using autoregressive and within- and across-country multi-trait reaction norms test-day models. **Animal**, v. 15, n. 2, p. 100084, 2021.

SILVA, F. F. et al. Sire evaluation for total number born in pigs using a genomic reaction norms approach. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 9, p. 3825–3834, 2014.

STREIT, M. et al. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, n. 5, p. 380–389, 2012.

STREIT, M. et al. 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**, v. 96, n. 11, p. 7318–7324, 2013.

SU, G. et al. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 7, p. 1651–1657, 2006.

TIEZZI, F. et al. Genotype by environment (climate) interaction improves genomic prediction for production traits in US Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 3, p. 2042–2056, 2017.

VAN DER LAAK, M. et al. Genotype by environment interaction for production, somatic cell score, workability, and conformation traits in Dutch Holstein-Friesian cows between farms with or without grazing. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 6, p. 4496–4503, 2016.

WANG, X. et al. Genome-wide association study in Chinese Holstein cows reveal two candidate genes for somatic cell score as an indicator for mastitis susceptibility. **BMC Genetics**, v. 16, n. 1, p. 1–9, 2015.

WEIGEL, K. A.; SHOOK, G. E. Genetic Selection for Mastitis Resistance. **Veterinary Clinics of North America - Food Animal Practice**, v. 34, n. 3, p. 457–472, 2018.

ZAVADILOVÁ, L. et al. Genetic analysis of clinical mastitis data for Holstein cattle in the Czech Republic. **Archives Animal Breeding**, v. 58, n. 1, p. 199–204, 2015.

ZHAO, F. PING et al. **Genetic parameters for somatic cell score and production traits in the first three lactations of Chinese Holstein cows** *Journal of Integrative Agriculture*, 2015.