Interação genótipo-ambiente na produção de leite de vacas da raça Holandesa

Alencariano José da Silva Falcão[1*], Elias Nunes Martins[2], Cláudio Napolis Costa[3] e Josmar Mazucheli[4]

*[1]Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal do Tocantins, BR 153, km 112, Cx. Postal 132, Araguaína, Tocantins, Brasil. [2]Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil. [3]Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil. [4]Departamento de Estatística, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: alencariano@uft.edu.br*

RESUMO. Os efeitos, sobre a avaliação genética da interação reprodutor-região, foram investigados analisando-se 108.702 registros de produção de leite (PL305) de vacas da raça Holandesa, pertencentes a rebanhos de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Sanata Catarina e Rio Grande do Sul. Um modelo animal multicarácter foi aplicado para estimar os componentes de variância e covariância utilizando amostragem de Gibbs. As médias *a posteriori* da variância genética de Santa Catarina e Rio Grande do Sul foram superiores ($p < 0,001$) às estimadas nos demais Estados e iguais ($p > 0,05$) entre si. As herdabilidades variaram entre 0,24 e 0,38. As correlações genéticas entre os Estados foram de baixa magnitude e variaram entre 0,07 a 0,33. Os valores de correlação de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores variaram entre 0,73 e 0,86. Os resultados sugerem a existência da interação genótipo-ambiente para PL305 entre os Estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná e os Estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

Palavras-chave: cadeia de Markov, correlação, componentes de variância, herdabilidade.

ABSTRACT. Genotype-environment interaction on milk yield of Holstein cows. The effects of sire-environment interaction on genetic evaluation were investigated by analyzing 108,702 records of milk yield (305ME) of Holstein cows from the states of Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina and Rio Grande do Sul. A Multivariate animal model was applied to estimate of genetic variance and covariance components, using Gibbs sampling. The *a posteriori* means of genetic variance in Santa Catarina and Rio Grande do Sul were higher ($p < 0.001$) than estimates in others states, even though the estimates did not vary ($p > 0.05$) between these two states. Heritability estimates of states ranged from 0.24 to 0.38. Genetic correlations among states were low and ranged from 0.07 to 0.33. Spearman's correlation among sire breeding values ranged from 0.73 to 0.86. These results suggest sire-environment interaction for 305ME in the states of Minas Gerais, São Paulo, Paraná and between the states of Santa Catarina and Rio Grande do Sul.

Key words: Markov chain, correlation, variance components, heritability.

Introdução

A utilização da inseminação artificial em larga escala tem permitido a realização de avaliações genéticas de touros leiteiros, por meio do desempenho de suas progênies, em uma grande diversidade de condições ambientais. No entanto, as avaliações são possíveis graças à utilização de sofisticadas metodologias genético-estatísticas aplicadas a bancos de dados, disponibilizados por associações de criadores, e ao desenvolvimento tecnológico na área de informática.

No Brasil, a maior parte dos rebanhos de vacas da raça Holandesa está situada nas regiões sul e sudeste onde prevalecem diferenças marcantes de condições de clima, alimentação e manejo. Dessa forma, tais fatores podem ser importantes fontes de heterogeneidade de variância e/ou interação genótipo-ambiente. Bowman (1972) definiu interação genótipo-ambiente como uma mudança no desempenho relativo de uma característica de dois ou mais genótipos medidos em dois ou mais ambientes. As interações podem, portanto, envolver mudanças na ordem dos postos dos genótipos entre ambientes e mudanças na magnitude relativa e absoluta das estimativas de variância fenotípica, genética e ambiental entre diferentes ambientes.

Falconer (1952) estendeu o conceito de correlação genética para comparar a expressão genotípica e a resposta à seleção em diferentes ambientes como características distintas pelas

respostas à seleção parcialmente desiguais. Em gado de leite, a maioria dos estudos investiga a interação genótipo-ambiente que trata a expressão da produção de leite em diferentes ambientes como diferentes características (Cromie *et al.*, 1997; Veerkamp e Goddard, 1998).

Os ganhos genéticos obtidos em populações de bovinos leiteiros dependem da acurácia de predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção. Segundo Bertrand *et al.* (1985), a acurácia dos valores genéticos dos animais avaliados em diversos ambientes será reduzida quando houver interação genótipo-ambiente detectável. Estas interações devem ser quantificadas e, quando necessário, serem incluídas nos procedimentos das avaliações genéticas para minimizar seus efeitos. Portanto, a modelagem apropriada nas avaliações genéticas deve considerar as mudanças potenciais na classificação, magnitude dos valores genéticos e ganhos genéticos nos diferentes ambientes (Costa, 1999b).

Este trabalho teve como objetivos verificar a existência de interação reprodutor x região e avaliar seu impacto na avaliação genética.

Material e métodos

Foram analisados 108.702 registros de produção de leite de 58.272 vacas da raça Holandesa, que pariram entre os anos de 1980 e 1993, distribuídas em 1.626 rebanhos dos Estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. O conjunto de dados original foi editado eliminando-se as classes de rebanho-ano de parição com menos de 15 observações, lactações inferiores a 150 e superiores a 450 dias de duração e registros de produção menores que 1.000 e maiores que 13.000 kg de leite.

Os seguintes limites de idade, em meses, dentro de ordem de parto (OP) foram estabelecidos: 20 ≤ OP 1 ≤ 60; 30 ≤ OP 2 ≤ 78; 42 ≤ OP 3 ≤ 96; 54 ≤ OP 4 ≤ 116 e 66 ≤ OP 5 ≤ 134. As vacas foram classificadas em puras de origem e com composição genética superior ou igual a 31/32 da raça Holandesa. Foram definidas duas estações de parição: entre os meses de abril a setembro e entre outubro e março.

Os componentes de variância e covariância e valores genéticos, para a produção de leite ajustada para 305 dias de lactação e idade adulta (PL305) de todos Estados, foram estimados utilizando-se o modelo animal, descrito na forma matricial em [I],

$$y = X\beta + Za + Wp + e \qquad [I]$$

em que:

y é o vetor das produções de leite (PL305);

β o vetor dos efeitos fixos da subclasse rebanho-ano de parição, estação de parto, grupo genético e ordem de parto com componente linear e quadrático;

a o vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos;

p o vetor das contribuições de ambiente permanente;

e o vetor de resíduos;

X, Z e W são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, genéticos diretos e dos efeitos de ambiente permanente, respectivamente.

Admitiu-se que,

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+WPW'+R & ZG & WP & R \\ GZ' & G & \phi & \phi \\ PW' & \phi & P & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:

$G = A\,\sigma_a^2$, $P = I_p\ \sigma_p^2$ e $R = I\ \sigma_e^2$;

A é a matriz de coeficientes de parentesco entre os animais, de ordem m;

σ_a^2 a variância genética aditiva;

σ_p^2 a variância de efeito de ambiente permanente, associado às vacas;

σ_e^2 é a variância de efeito temporário de ambiente;

I uma matriz identidade de ordem n;

I_p uma matriz identidade de ordem p;

n o número total de lactações;

p o número de vacas com registro de lactação.

Posteriormente, a PL305 em cada Estado foi tratada como característica diferente, assumindo o modelo [II]. As definições para os elementos do modelo e para a distribuição conjunta de y, a, p e e são as seguintes:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & X_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & W_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & W_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_5 \end{bmatrix} \qquad [II]$$

em que:

$y_1, y_2, \ldots, y_5$ são os vetores de observações, PL305;

$\beta_1, \beta_2, \ldots, \beta_5$ vetores dos efeitos fixos;

$a_1, a_2, \ldots, a_5$ vetores dos efeitos genéticos diretos;

$p_1, p_2, \ldots, p_5$ vetores dos efeitos de ambiente permanente;

$X_1, X_2, \ldots, X_5$ matrizes de incidência dos efeitos fixos;

$Z_1, Z_2, \ldots, Z_5$ matrizes de incidência dos efeitos genéticos diretos;

$W_1, W_2, \ldots W_5$ matrizes de incidência dos efeitos permanentes de ambiente;

$e_1, e_2, \ldots, e_5$ vetores dos erros aleatórios e os índices *1, 2, ...5*, correspondem aos Estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, respectivamente. $G = G_0 \otimes A$, em que G_0 é a matriz de variância e covariância genéticas dos *i* Estados dada por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma^2_{a_1} & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_5} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma^2_{a_2} & \cdots & \sigma_{a_2 a_5} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_5 a_1} & \sigma_{a_5 a_2} & \cdots & \sigma^2_{a_5} \end{bmatrix},$$

em que:

$\sigma^2_{a_i}$ a variância genética aditiva do Estado *i* e $\sigma_{a_{ij}}$ a covariância genética entre os Estados *i* e *j*;

$P = \bigoplus_{i=1}^{5} I_i \sigma^2_{p_i}$, em que *i* identifica o Estado onde o animal foi observado;

$R = \bigoplus_{i=1}^{5} I_i \sigma^2_{e_i}$, em que *i* identifica o Estado onde o animal foi observado.

As distribuições *a priori* foram definidas como segue: para os efeitos fixos, foi assumida uma distribuição vaga. $G \sim \mathrm{IW}\left(G_0^*, \nu_g\right)$, cuja densidade é dada por

$$f(G \mid G_0^*, \nu_g) \propto (G)^{-1/2(\nu_g + m_g + 1)} . e^{-1/2 tr\left[(G_0^*)^{-1} G^{-1}\right]},$$

em que:

m_g é a ordem da matriz G;

G_0^* a matriz de parâmetro escala da distribuição de *G*.

$\sigma^2_{p_i} \sim \Gamma\mathrm{I}(p_o, \nu_d)$ com densidade

$$f(\sigma^2_{p_{0_i}} \mid p_{o_1}, \nu_{p_i}) \propto \left(\sigma^2_{p_{0_i}}\right)^{-1/2(\nu_{p_i}+2)} . e^{-1/2(p_{0_i}\sigma^{-2}_{p0_i})},$$

em que:

p_{o_i} é o parâmetro escala da distribuição de $\sigma^2_{p_{0_i}}$. $\sigma^2_{e_i} \sim \Gamma\mathrm{I}\left(\sigma^2_0, \nu_r\right)$ com densidade

$$f(\sigma^2_{e_i} \mid \sigma^2_{0_i}, \nu_{r_i}) \propto \left(\sigma^2_{e_i}\right)^{-1/2(\nu_{ri}+2)} . e^{-1/2(\sigma^2_{0_i}\sigma^{-2}_{e_i})},$$

em que:

$\sigma^2_{0_i}$ é o parâmetro escala da distribuição de $\sigma^2_{e_i}$;

ν_g, ν_{p_i} e ν_{r_i} correspondem aos números de graus de liberdade das distribuições de G, $\sigma^2_{p_i}$ e $\sigma^2_{e_i}$, respectivamente.

Assim, a densidade conjunta *a posteriori* é dada por:

$$\begin{aligned} & f(\beta, a, G, R / y, \nu_g, G_0, \nu_{r_1}, \sigma^2_{0_1}, \ldots, \nu_{r_6}, \sigma^2_{0_6}) \\ & \propto |R|^{-1/2} . \exp\left\{-\tfrac{1}{2}(y - X\beta - Za - Wp)' R^{-1} (y - X\beta - Za - Wp)\right\} \\ & |G|^{-\frac{1}{2}(n+\nu_g+d_0+1)} . \exp\left\{-\tfrac{1}{2}\left[a'(G^{-1} \otimes A^{-1})a + tr\left(\nu^*_g G_0 G^{-1}\right)\right]\right\} \\ & \prod_{i=1}^{5}\left[\left|\sigma^2_{p_i}\right|^{-\frac{1}{2}(n_i+\nu_{p_i}+1)} . \exp\left\{-\tfrac{1}{2}\left(a'\left(\sigma^{-2}_{p_i} \otimes I_{n_i}\right)a\right) + \left(\nu^*_{p_i} d_{0_i} \sigma^{-2}_{p_i}\right)\right\}\right] . \\ & \prod_{i=1}^{5}\left(\sigma^2_{e_i}\right)^{-\frac{1}{2}(\nu_{r_i}+2)} . \exp\left\{-\frac{\nu^*_{r_i}}{2}\sigma^2_{0_i}\sigma^{-2}_{e_i}\right\}. \end{aligned}$$

em que:

n = número de animais.

A estimação dos componentes de variância e covariância e dos valores genéticos foi realizada por meio dos programas do sistema MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Model) desenvolvido por Van Tassell e Van Vleck (1995).

Nas análises unicarácter, para cada parâmetro, foram geradas cadeias de Gibbs de 80.000 iterações. Adotou-se um descarte inicial de 30.000 iterações e as amostras para os parâmetros de interesse foram retiradas a cada 50 iterações. Nas análises multicarácter, foram geradas 25 cadeias com 300.896 amostras cada, obtidas sem descarte inicial e após intervalo de amostragem a cada duas iterações. A convergência das cadeias de Gibbs para distribuições estacionárias dos componentes de variância e covariância foi diagnosticada usando o método de Heidelberger e Welch (1983), implementado na biblioteca CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*) versão 0.4, desenvolvido por Best *et al.* (1995).

Para medir a associação entre postos das classificações nos diferentes Estados e nas diferentes análises (uni e multicarácter), utilizou-se a correlação de Spearman. Além disso, mediu-se o percentual de touros comuns selecionados nos diferentes Estados e nas diferentes análises, ao aplicar pressão de seleção de 1%. A estatística *z* foi aplicada para avaliar a igualdade das variâncias genéticas e residuais e das correlações genéticas entre os Estados, assumindo a normalidade para suas distribuições *a posteriori*. Para o cálculo de *z*, foram utilizadas as médias e respectivos desvios-padrão (DP) "*a posteriori*" de cada parâmetro.

Para avaliar a conectabilidade genética entre pares de Estados foi usado o conceito de similaridade genética, definido por Rekaya *et al.* (2003), como sendo

a razão entre o número de filhas dos touros comuns entre o par de Estados e o número de filhas de todos os touros usados no respectivo par de Estados. A Tabela 1 apresenta a similaridade genética entre os cinco Estados e o número de touros comuns com mais de quatro filhas entre cada par de Estados.

Tabela 1. Similaridade genética (acima da diagonal) e número de touros comuns (abaixo da diagonal) com mais de quatro filhas usados entre os cinco Estados.
Table 1. *Genetic similarity (above diagonal), and the number of common bulls (below diagonal) with more than four female offspring used among the five states.*

Estado *State*	MG	SP	PR	SC	RS
MG		0,56	0,68	0,30	0,45
SP	356		0,62	0,26	0,46
PR	357	514		0,35	0,56
SC	66	95	98		0,29
RS	162	223	237	64	

Resultados e discussão

As informações referentes ao número de lactações estudadas, as médias observadas e respectivos desvios-padrão são apresentados na Tabela 2. Pode-se observar que as dispersões das médias da PL305 foram similares entre os Estados.

Tabela 2. Número de observações, médias e desvios-padrão para produção de leite em 305 dias de lactação.
Table 2. *Number of records, means and standard deviations for 305-day milk yield.*

Estado *State*	Número de lactações *Number of records*	Média, kg *Mean, kg*	Desvio-padrão, kg *Standard deviation, kg*
MG	8.730	4.696	1.543
SP	27.226	5.035	1.590
PR	64.815	6.291	1.508
SC	3.552	4.832	1.502
RS	4.379	4.781	1.551

Assegurar a convergência do Gibbs Sampling (GS) é uma questão crucial no uso dos procedimentos Bayesianos, associados aos métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov, pois, caso as amostras não sejam provenientes de uma distribuição *"a posteriori"* estacionária, as inferências não são válidas. Nas análises unicarácter, o número de iterações iniciais descartadas e o intervalo de amostragem foram suficientes para o algoritmo de GS alcançar a convergência. No entanto, nas análises multicarácter, a convergência dos parâmetros foi atingida após descartes adicionais das iterações iniciais, que variaram de 1.000 a 160.000, e aumento no intervalo de amostragem, que variaram de dez a 20 iterações. Estes resultados eram esperados, principalmente, pela complexa estrutura de dados nas análises multivariada. Em geral, a convergência das cadeias para distribuições estacionárias foi mais difícil de ser alcançada para as covariâncias.

A Figura 1 ilustra o comportamento do amostrador de Gibbs nas análises multicarácter, por meio do histórico das iterações, para alguns parâmetros. Pode-se observar que o GS visitou o espaço paramétrico efetivo de σ_a^2 ao acaso, mesmo durante a fase das iterações iniciais descartadas. Este comportamento sugere baixa correlação entre os valores amostrais e maior rapidez no processo de convergência do GS. Por outro lado, a trajetória da cadeia para as covariâncias genéticas mostram comportamento diferente, o que foi evidenciado pela maior lentidão na convergência do GS.

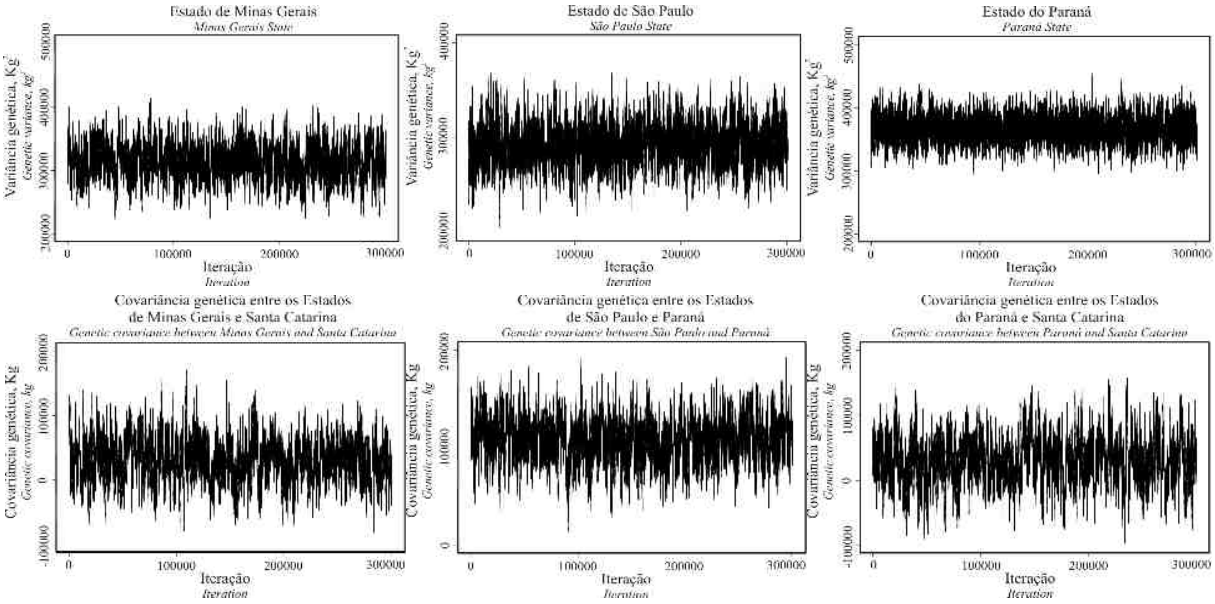

Figura 1. Histórico das iterações da variância e covariância genética para produção de leite em análises multicarácter.
Figure 1. *Trace plots for genetic variance and covariance for milk yield in multi-character analysis.*

As médias e os respectivos DP *a posteriori* e o intervalo de credibilidade da variância e covariância genética para PL305, obtidos nas análises multicarácter, são apresentados na Tabela 3. As estimativas da variância genética dos Estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul foram significativamente superiores ($p < 0,001$) às obtidas nos demais Estados, porém, elas não diferiram ($p > 0,05$) entre si. Estes resultados indicam fortes evidências da existência de heterogeneidade de variâncias. As estimativas mais precisas da variância genética foram as encontradas nos Estados de São Paulo e Paraná, dado que foram as que apresentaram os menores desvios-padrão e as menores amplitudes dos intervalos de credibilidade entre os percentis 2,5 e 97,5%. Aquelas de menores precisões foram observadas nos Estados com os menores números de registros de lactações, ou seja, em Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

Com respeito às médias, a *posteriori* das covariâncias genéticas PL305 entre os Estados, apesar de todas terem sido positivas, pode-se observar que o GS visitou o espaço paramétrico negativo, amostrando valores abaixo de zero para nove das dez covariâncias estimadas.

Tabela 3. Médias e respectivos desvios-padrão (DP) *a posteriori* e percentis da variância (σ_i^2) e covariância ($\sigma_{i,\ j}$) genética para produção de leite (kg^2) em 305 dias de lactação, obtidos de análise multicarácter.
Table 3. *A posteriori means with standard deviations (SD), and percentiles of genetic variance (σ_i^2) and covariance ($\sigma_{i,j}$) for 305-day milk yield, estimated from multiple-trait analyses.*

Componente de variância e covariância *Variance and covariance component*	Média *Average*	DP *SD*	Persentis *Percentiles (%)*		
			2,5	50	97,5
σ_1^2	312.180	26.066	261.762	312.430	362.366
$\sigma_{1,2}$	54.855	21.370	12.440	55.113	96.468
$\sigma_{1,3}$	66.003	26.246	13.736	65.712	116.774
$\sigma_{1,4}$	30.652	32.756	-31.883	30.355	85.283
$\sigma_{1,5}$	35.902	32.263	-26.424	35.274	100.130
σ_2^2	292.135	19.997	253.825	291.740	332.677
$\sigma_{2,3}$	107.109	21.405	63.964	107.128	149.937
$\sigma_{2,4}$	38.866	31.232	-19.495	38.760	102.402
$\sigma_{2,5}$	53.015	30.572	-8.230	53.405	111.215
σ_3^2	365.266	18.861	328.480	365.136	402.830
$\sigma_{3,4}$	30.349	35.862	-41.506	30.084	102.250
$\sigma_{3,5}$	47.222	32.815	-18.550	48.230	107.979
σ_4^2	573.465	45.758	449.446	535.887	630.091
$\sigma_{4,5}$	57.198	43.334	-28.648	57.297	141.194
σ_5^2	563.376	47.404	470.817	562.176	655.048

i e j = 1 ... 5, em que 1 = Estado de Minas Gerais, 2 = Estado de São Paulo, 3 = Estado do Paraná, 4 = Estado de Santa Catarina e 5 = Estado do Rio Grande do Sul.
i and j = 1 ... 5, where 1 = Minas Gerais state, 2 = São Paulo state, 3 = Paraná state, 4 = Santa Catarina state and 5 = Rio Grande do Sul state.

A estimativa mais precisa da média *a posteriori* da covariância genética foi encontrada entre os Estados de São Paulo e Paraná, como indica a magnitude do DP e a amplitude do intervalo de credibilidade entre os percentis 2,5 e 97,5%. Esta precisão está associada ao maior número de lactações e à maior conectabilidade genética entre os Estados em questão, conforme apresentado na Tabela 1.

A Tabela 4 ilustra as estimativas das médias *a posteriori* das herdabilidades, correlações genéticas e correlações fenotípicas para PL305, obtidas nas análises multicarácter. As estimativas de herdabilidade encontradas, neste estudo, concordam com os resultados reportados pela literatura (Freitas *et al.*, 2001; Zwald *et al.*, 2003). Rorato *et al.* (1994) obtiveram estimativas de herdabilidade para produção de leite de vacas da raça Holandesa, em três regiões do Estado do Paraná, iguais a 0,68 ± 0,14; 0,28 ± 0,08 e 0,33 ± 02. Melo *et al.* (2005) encontraram um valor de 0,27 para herdabilidade, utilizando 28.437 registros de produção de leite da primeira lactação de vacas da raça Holandesa, pertencentes a rebanhos dos Estados do Espírito Santo, Minas Gerais, São Paulo, Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

O aumento nos níveis de produção de leite entre os Estados não foi acompanhado do respectivo aumento nas estimativas de variância genética, residual e da herdabilidade. Assim, os resultados deste estudo estão em desacordo com alguns autores que encontraram relação positiva entre as estimativas de variância e herdabilidade e os níveis de produção dos rebanhos, regiões ou países (Boldman e Freeman, 1990; Stanton *et al.*, 1991; Costa, 1999a).

Tabela 4. Médias e desvios-padrão *a posteriori* da herdabilidade (na diagonal), correlação genética (acima) e correlação fenotípica (abaixo) para produção de leite em cinco Estados, estimados de análises multicarácter.
Table 4. *A posteriori means and standard deviation of heritability (diagonal), genetic (above) and phenotypic (below) correlation for milk yield, estimated from multiple-trait analyses.*

Estado *State*	MG	SP	PR	SC	RS
MG	0,29 ± 0,02	0,18	0,19	0,07	0,09
SP	0,05	0,24 ± 0,01	0,33	0,10	0,13
PR	0,05	0,08	0,28 ± 0,01	0,07	0,10
SC	0,02	0,03	0,02	0,38 ± 0,03	0,10
RS	0,03	0,04	0,03	0,04	0,37 ± 0,03

Os coeficientes de correlação genética diferiram significativamente ($p < 0,001$) entre todos Estados, sendo as maiores estimativas encontradas entre os pares de Estados Paraná-Minas Gerais e Paraná-São Paulo, conforme apresentado na Tabela 4. Os baixos valores das correlações genéticas encontrados, neste estudo, sugerem que o pool de genes que controla esta característica se expresse de forma diferenciada entre os diferentes ambientes, portanto, poder-se-ia tratar a produção de leite em cada Estado como diferentes características, conforme proposto por Falconer (1952).

Vários autores, utilizando registros de lactações de rebanhos da raça Holandesa, têm encontrado valores de correlação genética para produção de leite, entre diferentes ambientes, próximos à unidade. Carabaño *et al.* (1989) reportaram valores de correlações genéticas entre Espanha e Estados Unidos em torno de 0,81. Sullivan e Schaeffer (1989) encontraram correlações genéticas entre quatro regiões do Canadá que variaram entre 0,85 e 0,89. Costa *et al.* (2000) estimaram a correlação genética para produção de leite entre Brasil e Estados Unidos em 0,85. Apesar destes valores próximos à unidade, principalmente nos países temperados, Rorato *et al.* (2000) salientam que os estudos sobre interação genótipo-ambiente são contraditórios, merecendo ser mais pesquisados nas condições brasileiras. Segundo Bowman (1972), as diferenças extremas de ambiente, tais como, precipitação, temperatura, fotoperíodo, dieta, região e exposição a doenças, são as condições mais prováveis que resultam em correlação genética de baixa magnitude.

Os menores coeficientes de correlação genética foram encontrados entre as regiões mais contrastantes, ou seja, entre os pares de Estados Santa Catarina-Minas Gerais, Santa Catarina-São Paulo e Rio Grande do Sul-Minas Gerais. A baixa correlação genética observada entre os Estados do Paraná e Santa Catarina, provavelmente, reflete diferenças entre os níveis de produção destes Estados. Resultados similares foram reportados por Houri Neto (1996) e Rorato *et al.* (1999).

Robertson (1959) estabeleceu, um tanto quanto arbitrariamente, que diferenças biológicas importantes podem ser indicadas quando a correlação genética entre ambientes for menor ou igual a 0,80. Os baixos valores das correlações genéticas encontradas, neste estudo, evidenciam a ocorrência da interação genótipo-ambiente e indicam possíveis alterações na ordem do posto dos reprodutores entre os Estados. A hipótese pode ser confirmada pelos baixos valores para a correlação de Spearman entre os valores genéticos para PL305 dos reprodutores de cada Estado, conforme apresentados na Tabela 5. Os resultados obtidos, a partir das correlações de Spearman e do percentual de touros comuns, apontam para existência de classificações distintas e seleção de diferentes touros entre os cinco Estados nas duas análises (uni e multicarácter). Os valores máximos e mínimos de correlação de postos foram 86,1 e 73,3%, entre os Estados de São Paulo e Santa Catarina e, Rio Grande do Sul e Minas Gerais, respectivamente. Em ambas as situações, verificam-se alterações de ordenamento, porém tal alteração é mais evidente em valores de correlações inferiores a 80%.

Tabela 5. Valores de correlação de Spearman (acima da diagonal) e percentual de indivíduos comuns ao selecionar-se 1% dos machos (abaixo da diagonal).
Table 5. *Spearman's correlation values (above diagonal) and number of commons animals (%), with 1% of sires selected.*

Estado *State*	RS	MG	SP	SC	PR	Unicarácter
RS		0,733	0,795	0,844	0,779	0,773
MG	18,9		0,786	0,813	0,809	0,768
SP	10,8	18,9		0,861	0,817	0,787
SC	21,6	21,6	13,5		0,783	0,806
PR	2,7	10,8	32,4	13,5		0,816
Unicarácter	16,2	29,7	48,6	18,9	51,4	

Os maiores e menores percentuais de indivíduos comuns foram 32,4 e 2,7%, entre os Estados de São Paulo e Santa Catarina e Paraná e Rio Grande do Sul, respectivamente, demonstrando a existência de diferenças nos grupos de touros selecionados em cada Estado.

Conclusão

As baixas magnitudes das correlações genéticas e a existência de heterogeneidade de variância entre Estados são indicativos de uma interação genótipo x ambiente significativa. Estes resultados mostram a importância de se considerar a interação genótipo-ambiente nas avaliações genéticas.

Agradecimentos

A Embrapa Gado de Leite e a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa pela cessão dos dados. Aos revisores *ad hoc* pelas valiosas sugestões apresentadas para redação final do trabalho.

Referências

BERTRAND, J.K. *et al*. Sire x environment interactions in beef cattle weaning weight field data. *J. Anim. Sci*., Champaign, v. 60, n. 6, p. 1396-1402, 1985.

BEST, N.G. *et al*. *CODA*: convergence diagnostics and output analysis software for gibbs sampler output: version 0.40. Cambridge: Unidade de Bioestatística do MRC, 1995. Relatório Técnico.

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

BOWMAN, J.C. Genotype x environment interactions. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, Paris, v. 4, n. 1, p. 117-123, 1972.

CARABAÑO, M.J. *et al.* Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy cattle in Spain and the United States. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 72, n. 13, p. 3013-3022, 1989.

COSTA, C.N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in

Brazilian herd environments. *Genet. Mol. Biol.*, Ribeirão Preto, v. 22, n. 3, p. 375-381, 1999a.

COSTA, C.N. Interação genótipo e ambiente em gado de leite. *In*: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 426., 1999, Viçosa. *Anais*... Viçosa: UFV, 1999b. p. 161.

COSTA, C.N. *et al*. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 83, n. 12, p. 2963-2974, 2000.

CROMIE, A.R. *et al*. Genotype by environment interaction for milk yield in dairy cattle. *Irish Grassl. Anim. Prod. Assoc. J.*, Dublin, v. 31, p. 29-35, 1997.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *Am. Nat.*, Chicago, v. 86, p. 293-298, 1952.

FREITAS, A.F. *et al*. Parâmetros genéticos para produção de leite e gordura nas três primeiras lactações de vacas Holandesas. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 709-713, 2001.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Oper. Res.*, Baltimore, v. 31, p. 1109-1144, 1983.

HOURI NETO, M. *Interação genótipo-ambiente e avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, usados no Brasil e nos Estados Unidos*. 1996. Tese (Doutorado em Ciência Animal)–Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 1996.

MELO, C.M.R. *et al*. Parâmetros genéticos para as produções de leite no dia do controle e da primeira lactação de vacas da raça Holandesa. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 796-806, 2005.

REKAYA, R. *et al*. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 86, n. 5, p. 1837-1844, 2003.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, Washington, D.C., v. 15, n. 3, p. 469-485, 1959.

RORATO, P.R.N. *et al*. Efeito da interação genótipo-ambiente sobre a produção de leite da raça Holandesa, no Estado do Paraná. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 23, n. 5, p. 859-869, 1994.

RORATO, P.R.N. *et al*. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. (I). Modelo de touro. *Cienc. Rural*, Santa Maria, v. 28, n. 4, p. 717-720, 1999.

RORATO, P.R.N. *et al*. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. 2. Uso de um modelo animal. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 29, n. 6, p. 2030-2035, 2000. Supl. 1.

STANTON, T.L. *et al*. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 74, n. 5, p. 1700-1714, 1991.

SULLIVAN, P.G.; SCHAEFFER, L.R. Regional heterogeneity of variances and its effect on Canadian Holstein sire evaluation. *Can. J. Anim. Sci.*, Ottawa, v. 69, n. 3, p. 605-612, 1989.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, D.L. *A manual for use of MTGSAM*: a set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. Lincoln: U.S. Departament of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995.

VEERKAMP, R.F.; GODDARD, M.E. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yields. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 81, n. 6, p. 1690-1701, 1998.

ZWALD, N.R. *et al*. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 86, n. 3, p.1009-1018, 2003.

Received on August 14, 2007.
Accepted on June 12, 2008.