



## EFEITOS DA INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE REPRODUTORES DA RAÇA HOLANDESA, USANDO MÉTODOS BAYESIANOS VIA AMOSTRADOR DE GIBBS

ALENCARIANO JOSÉ DA SILVA FALCÃO<sup>1</sup>, ELIAS NUNES MARTINS<sup>2</sup>, CLÁUDIO NAPOLIS COSTA<sup>3</sup>, EDUARDO SHIGUERO SAKAGUTI<sup>4</sup>, CARLOS ANTÔNIO LOPES DE OLIVEIRA<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Prof. Adjunto I, PUCPR, campus Toledo. Av. da União, 500. CEP: 85902-532. [falcao@rla01.purpr.br](mailto:falcao@rla01.purpr.br)

<sup>2</sup> Prof. Associado, Universidade Estadual de Maringá, DZO. Av Colombo 5790. 87020-900. [enmartins@uem.br](mailto:enmartins@uem.br)

<sup>3</sup> Pesquisador da EMBRAPA Gado de Leite – 36038-330 Juiz de Fora, MG. Bolsista CNPq. [cnc8@cnpqgl.embrapa.br](mailto:cnc8@cnpqgl.embrapa.br)

<sup>4</sup> Prof. Adjunto, Universidade Estadual de Maringá, DZO. [essakaguti@uem.br](mailto:essakaguti@uem.br)

<sup>5</sup> Prof. da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul/DZO. [calolive@hotmail.com](mailto:calolive@hotmail.com)

**RESUMO** – Utilizaram-se registros de produção de leite de vacas da raça Holandesa de rebanhos dos Estados de MG, SP, PR, SC e RS para avaliar os efeitos da interação reprodutor-região na avaliação genética por análises multicausais, com um modelo animal, usando amostragem de Gibbs. As variâncias genéticas e residuais para PL305 foram diferentes ( $P < 0,0001$ ) entre os 5 Estados. As correlações genéticas entre Estados variaram entre 0,068 a 0,328. Os valores de correlação de Spearman entre os valores genéticos dos reprodutores variaram entre 0,733 e 0,861. Resultados que sugerem a existência da interação genótipo-ambiente. Verificam-se mudanças nas ordens dos postos dos reprodutores.

**PALAVRAS-CHAVE:** correlação genética, componentes de variância, herdabilidade

EFFECTS OF GENOTYPE-ENVIRONMENT INTERACTIONS ON GENETIC EVALUATION OF HOLSTEIN SIREs, USING BAYESIAN INFERENCE VIA GIBBS SAMPLER

**ABSTRACT** - Records on milk yield of Holstein cows from Herds of MG, SP, PR, SC and RS States were used to investigate effects of sire x region interactions on genetic evaluation by Gibbs sampling. An animal model and multiple-trait analysis were applied. Genetic and residual variances were significant ( $P < 0.0001$ ) between the 5 States. The magnitudes of genetic correlations between states were very low and ranged from 0.068 to 0.328, suggesting the genotype by environment interaction. Spearman correlation among sires breeding values ranged from 0.733 and 0.861, and changes in ranking were detected between five States.

**KEYWORDS:** genetic correlation, heritability, variance components

### INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, os programas de melhoramento conduzidos em algumas populações de bovinos têm alcançado grande progresso. Este sucesso, em parte, é decorrente do uso cada vez mais eficiente das informações disponíveis sobre os animais candidatos à seleção e do desenvolvimento de sofisticada metodologia genético-estatística.

Um importante componente dos programas de melhoramento é a predição acurada dos valores genéticos. Segundo Costa (1999), a modelagem apropriada das avaliações genéticas deve considerar as mudanças potenciais na classificação, magnitude dos valores genéticos e ganhos genéticos nos diferentes ambientes, o que seria uma indicação de interação genótipo x ambiente. Falconer (1952) introduziu o conceito de uma correlação genética entre o desempenho em dois ambientes como sendo duas características diferentes e usou a razão entre as respostas indireta e direta à seleção para determinar o melhor ambiente para seleção. Robertson et al. (1960) identificou a necessidade de reconhecer se a herdabilidade diferia entre ambientes e se a classificação dos touros era afetada por essas diferenças. 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. Este trabalho teve como objetivos verificar a existência de interação reprodutor x região e avaliar seu impacto na avaliação genética.

### MATERIAL E MÉTODOS

O conjunto de dados utilizados neste estudo foi gerado nos programas oficiais de controle leiteiro da raça Holandesa dos Estados de MG, SP, PR, SC e RS, e são gerenciados pela EMBRAPA-CNPGL.

Os dados foram editados com uso do sistema SAS® (SAS, 2001). Foram eliminadas 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 1000 e maiores que 13.000 kg de leite. Após as edições obteve-se um conjunto de dados com 108.702 registros de produções de leite ajustadas para 305 de lactação (PL305) de 62.458 vacas, cujas partições ocorreram entre 1980 e 1993, distribuídas em 763 rebanhos. Os componentes de (co)variância (COV) e valores genéticos (VG), considerando a PL305 em todos os Estados conjuntamente, foram estimados utilizando-se um modelo animal que incluiu os efeitos fixos rebanho-ano, época de parição, composição racial das vacas (puras de origem ou superior a 31/32 da raça Holandesa), idade da vaca como covariável (efeitos linear e quadrático) e, os efeitos aleatórios diretos, permanentes e residuais. Análises multivariadas foram realizadas, onde a PL305 em cada Estado foi tratada como característica diferente, assumindo o modelo:  $y = X\beta + Za + Wp + e$ , em que:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & X_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & X_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & Z_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & Z_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & W_2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & W_5 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_5 \end{bmatrix}, \text{ onde } y_1, y_2, \dots, y_5 \text{ são}$$

os vetores de PL305 dos cinco Estados;  $X_1, \dots, X_5$ ,  $Z_1, \dots, Z_5$  e  $W_1, \dots, W_5$  são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, genéticos e de ambiente permanente, respectivamente.  $\beta_1, \dots, \beta_5$ ,  $a_1, \dots, a_5$ ,  $p_1, \dots, p_5$  e  $e_1, \dots, e_5$  são os vetores dos efeitos fixos, genéticos, de ambiente permanente e residual.  $G = G_0 \otimes A$ ,

$$\text{onde } G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \dots & \sigma_{a_1 a_5} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \dots & \sigma_{a_2 a_5} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_5 a_1} & \sigma_{a_5 a_2} & \dots & \sigma_{a_5}^2 \end{bmatrix}, \text{ sendo } \sigma_{a_i}^2 = \text{variância genética do Estado } i \text{ (} i=1 \dots 5 \text{)}, \sigma_{a_{ij}} = \text{covariância}$$

genética entre os Estados e  $A$ =matriz de parentesco entre os animais.  $P = P_0 \otimes I$ , onde  $I$ =matriz identidade ordem igual ao número de animais,  $P_0$ =matriz de variância de ambiente permanente e

$$P_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p_1}^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_{p_2}^2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \sigma_{p_5}^2 \end{bmatrix}, \text{ sendo } \sigma_{p_i}^2 = \text{variância de ambiente permanente. } R = R_0 \otimes I, \text{ onde } R_0 = \text{matriz de}$$

$$\text{variância residual, } R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \sigma_{e_5}^2 \end{bmatrix} \text{ e } \sigma_{e_i}^2 = \text{variância residual.}$$

A implementação dos princípios Bayesianos na estimação dos COV e VG foi realizada por meio dos programas do sistema MTGSAM, desenvolvido por Van Tassell & Van Vleck (1995). A convergência das cadeias para distribuições estacionárias dos COV foi diagnosticada utilizando-se o método de Heidelberg & Welch (1983). Para medir a associação entre postos das classificações nos diferentes Estados e nas diferentes análises (uni e multivariadas), utilizou-se correlação de Spearman. Além disso, mediu-se o percentual de touros comuns selecionados nos diferentes Estados e nas diferentes análises, ao aplicar-se uma pressão de seleção de 1%. A existência de heterogeneidade de variância genética e residual entre os Estados foi detectada pelo teste *t-Student*.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas para PL305 e respectivos desvios padrão, nos Estados de MG, SP, PR, SC e RS foram  $4.713 \pm 1.543$ ,  $5.052 \pm 1.590$ ,  $6.327 \pm 1.501$ ,  $5.083 \pm 1.347$  e  $4.840 \pm 1.535$  kg, respectivamente. As médias *a posteriori* e desvios padrão de herdabilidade, estimadas na análise multivariada, mostradas na Tabela 1, estão dentro dos limites reportados pela literatura (De Veer & Van Vleck, 1987; Costa et al., 2000). As médias *a posteriori* dos componentes de variância genética e residual para PL305 entre os Estados apresentaram diferenças significativas ( $p < 0,0001$ ). Estas diferenças devem ser devidas às interações genótipo x ambiente, as quais podem provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e residuais, acarretando, assim, mudanças nas estimativas de herdabilidades e correlações genéticas.

As médias *a posteriori* das correlações genéticas e fenotípicas para PL305 foram de baixa magnitude, conforme mostrado na Tabela 1. Resultados que sugerem que a produção de leite em

cada Estado deve ser tratada como características diferentes, como proposto por Falconer (1952). As menores correlações genéticas foram encontradas entre os ambientes mais contrastantes, ou seja, entre os pares de Estados SC-MG, SC-SP e RS-MG. A baixa correlação genética observada entre os Estados do PR e SC, provavelmente, reflete diferenças entre os níveis de produção destes Estados. Resultados similares foram reportados por Rorato et al. (1999). 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. Esta hipótese pode ser confirmada pelos baixos valores para a correlação de Spearman entre os valores genéticos para PL305 dos reprodutores de cada Estado, mostrados na Tabela 2. 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 5 estados e as duas análises (uni e multicaracter). Os valores máximos e mínimos de correlação de postos foram 86,1 e 73,3%, entre os estados de SP e Sc e RS e MG, respectivamente. Em ambas as situações verificam-se alterações de postos, porém tal alteração é mais evidente em valores inferiores a 80%. Os maiores e menores percentuais de indivíduos comuns foram 32,4 e 2,7%, entre os estados de SP e SC e PR e RS, respectivamente, demonstrando a existência diferenças nos grupos de touros selecionados em cada Estado.

TABELA 1. 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 multicaracter

Estado	MG	SP	PR	SC	RS
MG	0,289±0,022	0,182	0,195	0,075	0,086
SP	0,047	0,236±0,015	0,328	0,098	0,130
PR	0,055	0,084	0,282± 0,013	0,068	0,104
SC	0,025	0,029	0,022	0,383±0,026	0,103
RS	0,027	0,038	0,033	0,038	0,366±0,027

TABELA 2. Valores de correlação de Spearman (acima da diagonal) e percentual de indivíduos comuns ao selecionar-se 1% dos machos (abaixo da diagonal)

Estado	RS	MG	SP	SC	PR	Unicaracter
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
Unicaracter	16,2	29,7	48,6	18,9	51,4	

### CONCLUSÕES

As baixas magnitudes das correlações genéticas e a existência de heterogeneidade de variância entre Estados são indicativos da interação genótipo x ambiente. Foi verificada mudança na ordem do posto dos reprodutores entre os Estados.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 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, 1999. p.161.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, P.A. et al. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.
- DE VEER, J.C.; VAN VLECK, D.L. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.7, p.1434-1441, 1987.
- FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. 3rd ed. New York: Logman Scientific & Technical, 1989. 438p.



## V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal

---

FALCONER, D.S. The Problem of Environment and Selection. **American Naturalist**, v.86, p.293-298, 1952.

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

ROBERTSON, A.; O'CONNOR, L.K.; EDWARDS, J. Progeny testing dairy bulls at different management levels. **Animal Production**, v.2, p.141, 1960.

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

RORATO, P.R.N.; VERNEQUE, R.S.; MARTINEZ, M.L. et al. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça Holandesa no Brasil. (I). Modelo de touro. **Ciência Rural**, v.29, n.4, p.717-720, 1999.

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]**. U.S. Department of Agriculture, 1995. (Agricultural Research Service).