

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PRODUÇÃO DE LEITE
EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO
PARANÁ**

Autora: Meiby Carneiro de Paula
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração: Produção Animal.

MARINGÁ
Estado do Paraná
Janeiro – 2006

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PRODUÇÃO DE LEITE
EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO
PARANÁ**

Autora: Meiby Carneiro de Paula
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração: Produção Animal.

MARINGÁ
Estado do Paraná
Janeiro - 2006

Aos meus pais **Ewaldo Carneiro de Paula Junior** (*in memoriam*) e **Doris Cristina Carneiro de Paula**, por terem valorizado o estudo e assumido o compromisso de educar com muita responsabilidade, amor e dedicação, sendo esta a maior herança que um filho pode receber.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, saúde e o privilégio de poder aprender.

Ao Professor Dr. **Elias Nunes Martins**, pela dedicada orientação, ajuda, incentivo, ensinamentos transmitidos, pelo exemplo de profissional, pela confiança em mim depositada, pelas oportunidades oferecidas e pela amizade.

Ao Dr. **Luiz Otávio Campos da Silva**, pela co-orientação e valiosas sugestões.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), por intermédio de seu presidente, Dr. **Nélio Ribas Centa**, pela disponibilização do banco de dados e apoio, que possibilitou a viabilização deste trabalho.

Ao Dr. **Altair Antonio Valloto**, Superintendente Técnico do Serviço de Registro Genealógico da APCBRH e ao **José Augusto Horst**, Supervisor de Operações de Campo do Serviço de Controle da APCBRH, pelo apoio e troca de informações.

Ao professor **Newton Pohl Ribas** por seu valioso trabalho no estabelecimento e organização do Programa de Análises de Rebanhos Leiteiros da APCBRH.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UEM, pelos ensinamentos, e em especial, aos professores Dr. **Antonio Cláudio Furlan**, Dr. **Carlos Eduardo Furtado**, Dr. **Cláudio Scapinello**, Dr. **Clóves Cabreira Jobim**, Dra. **Eliane Gasparino** e Dr. **Geraldo Tadeu dos Santos**.

Ao professor Dr. **Eduardo Shiguero Sakaguti**, pelos valiosos ensinamentos, ajuda e amizade.

À professora Dra. **Roseli Aparecida Leandro**, do Departamento de Ciências Exatas da ESALQ – USP, pela valiosa contribuição nas análises deste trabalho.

Aos secretários do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UEM, **Denílson dos Santos Vincentin** e **Waldirene Rossi da Silva**, por realizarem seu trabalho com muita dedicação.

Aos amigos que trabalharam comigo, **Alexandra Inês dos Santos**, **Alexandre Leseur dos Santos**, **Ana Paula Ton**, **Ana Carolina Müller Conti**, **Daniela Andressa Lino**, **Emília de Paiva**, **Fabiana Martins Costa**, **Hélerson Balmant**, **Maria Emília Reis** e **Priscilla Georg**, pela troca de informações, pelos momentos agradáveis que passamos juntos e amizade.

Ao amigo **Carlos Antonio Lopes de Oliveira**, com quem eu tive o privilégio de trabalhar, faço um agradecimento especial, por toda ajuda, conhecimentos compartilhados, conselhos e por sua amizade.

Aos colegas, **Ana Carolina Monteiro**, **André Leão**, **Andréia Fróes G. Oliveira**, **Ângela P. Parra**, **Carla Jaremtchuk**, **Daniel de Paula Sousa**, **Diovani Paiano**, **Jayme Povh**, **José César Cruz Junior**, **Juliano Beleze**, **Juliano Hashimoto**, **Luciana Otutumi**, **Luciano de Bortolo**, **Luis Daniel Giusti Bruno**, **Marcos A. da Silva**, **Márcia Izumi Sakamoto**, **Marconi B. Teixeira**, **Mariane Kutschenko**, **Maximiliane Zambom**, **Nelson Lopera**, **Ossival L. Ribeiro**, **Pablo Della Cruz**, **Paula Grande**,

Roberto Haruyoshi Ito, Rodrigo G. Franco, Rodrigo S. Goulart, Tiago Casimiro e Wallacy Santos, pelo carinho e pelos alegres momentos. À amiga **Elis Regina de Moraes Garcia**, pelo carinho, respeito, conselhos e amizade.

As amigas **Patrícia Faquinello e Sara Viviane Macedo**, pelo companheirismo e amizade, pelos momentos agradáveis que passamos morando juntas e pela troca de experiências de vida.

Ao meu noivo, **Laudí Cunha Leite**, pela ajuda, amor, carinho, respeito, por me acompanhar em todos os momentos e pelo constante incentivo a sempre seguir em frente. Agradeço todos os dias por tê-lo ao meu lado, ajudando-me a conseguir realizar importantes conquistas para as nossas vidas.

A minha irmã, **Melyssa Carneiro de Paula**, por todo amor, amizade e carinho, estando sempre ao meu lado, para podermos mostrar juntas que valeram à pena todos estes anos de dedicação. E ao seu noivo, **Marcio de Liz**, por toda ajuda e amizade.

Aos meus pais **Ewaldo Carneiro de Paula Junior** (*in memorian*) e **Doris Cristina Carneiro de Paula**, pela vida, amor, valores, educação e por me ensinarem que a cada dia sempre há uma nova chance para aprender mais. Seus exemplos de vida sempre carregarei comigo!!!

Muito Obrigada

BIOGRAFIA

Meiby Carneiro de Paula, filha de Ewaldo Carneiro de Paula Junior (*in memorian*) e Doris Cristina Carneiro de Paula, nasceu em Curitiba, Paraná, no dia 03 de março de 1976.

Em março de 1995, ingressou no Curso de Zootecnia das Faculdades Integradas Espírita, em Curitiba, Paraná. Obteve o título de Zootecnista em março de 1999. No mesmo ano, iniciou o Mestrado no Curso de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias da Universidade Federal do Paraná, sob a orientação do Prof. Dr. Humberto Gonzalo Monardes. Obteve o título de Mestre em junho de 2002.

A autora foi professora do Curso de Zootecnia das Faculdades Integradas Espírita, em Curitiba, Paraná, no período de abril de 2000 a setembro de 2003, ministrando as disciplinas de Melhoramento Animal e Bovinocultura de Leite.

Em março de 2003, ingressou no Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, área de concentração: Produção Animal, na Universidade Estadual de Maringá, realizando pesquisas na área de Melhoramento Genético Animal, sob a orientação do Prof. Dr. Elias Nunes Martins.

No dia 27 de janeiro de 2006, submeteu-se à banca para defesa da Tese.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS.....	ix
RESUMO.....	xii
ABSTRACT.....	xiv
INTRODUÇÃO.....	1
LITERATURA CITADA.....	6
OBJETIVOS GERAIS	9
ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ.....	10
Resumo.....	10
Abstract.....	11
Introdução.....	12
Material e Métodos.....	13
Resultados e Discussão.....	20
Conclusões.....	27
Literatura Citada.....	27
HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA ENTRE REGIÕES NO ESTADO DO PARANÁ.....	30
Resumo.....	30
Abstract.....	31
Introdução.....	32

Material e Métodos.....	33
Resultados e Discussão.....	40
Conclusões.....	45
Literatura Citada.....	45
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ.....	48
Resumo.....	48
Abstract.....	49
Introdução.....	50
Material e Métodos.....	51
Resultados e Discussão.....	58
Conclusões.....	66
Literatura Citada.....	66
CONCLUSÕES GERAIS.....	68

LISTA DE TABELAS

	Página
ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ.....	10
Tabela 1 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância e de herdabilidade para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e para os percentuais de gordura (%G) e proteína (%P), obtidas nas análises unicaracter.....	22
Tabela 2 – Intervalo de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, para os componentes de variância e de herdabilidade para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e para os percentuais de gordura (%G) e proteína (%P), obtidas nas análises unicaracter.....	23
Tabela 3 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de (co)variância e herdabilidade (h_a^2) para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas na análise tricaracter.....	24
Tabela 4 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de (co)variância e herdabilidade (h_a^2) para as produções de leite (PL), e os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P), com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas na análise tricaracter.....	25
Tabela 5 – Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre a produção de leite (PL), com as produções de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e entre a PL, com os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P).....	27

HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA ENTRE REGIÕES NO ESTADO DO PARANÁ.....	30
Tabela 1 – Número de lactações, vacas, rebanhos e de grupos de contemporâneos (GC) da produção de leite, estimada para 305 dias de lactação, por região.....	35
Tabela 2 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância genética aditiva para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	41
Tabela 3 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância permanente de ambiente para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	41
Tabela 4 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância residual para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	42
Tabela 5 – Médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância genética (acima da diagonal) e residual (abaixo da diagonal) nas regiões e a probabilidade dessa diferença ser maior ou menor que zero (entre parênteses).....	43
Tabela 6 – Médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância permanente de ambiente nas regiões e a probabilidade dessa diferença ser maior ou menor que zero (entre parênteses).....	44
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PRODUÇÃO DE LEITE DE BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ.....	48
Tabela 1 – Número de lactações, de vacas, de touros, de rebanhos e de grupos de contemporâneos (GC) da produção de leite estimada para 305 dias de lactação, por região.....	52
Tabela 2 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância e covariância genética para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%,	

	obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	60
Tabela 3 –	Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância de ambiente permanente para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	61
Tabela 4 –	Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância residual para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.....	61
Tabela 5 –	Médias posteriores da herdabilidade (na diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para a produção de leite, nas sete regiões do Estado do Paraná.....	62
Tabela 6 –	Similaridade genética (acima da diagonal) e número de touros em comum (abaixo da diagonal) entre as regiões.....	63
Tabela 7 –	Correlação de Spearman para a produção de leite entre a classificação dos touros, com base nos valores genéticos preditos (acima da diagonal) nas regiões estudadas ¹ e número de touros em comum (abaixo da diagonal), com seu respectivo percentual (entre parênteses), após seleção de 5%.....	64
Tabela 8 –	Classificação dos vinte melhores touros nas sete regiões do Estado do Paraná.....	65

RESUMO

Os objetivos deste trabalho foram de comparar as estimativas dos componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), e para os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P), em análises unicaracter e tricaracter, e de verificar a existência de heterogeneidade de variâncias e da interação genótipo x ambiente para a PL entre as regiões do Estado do Paraná e seu impacto na classificação de reprodutores da raça Holandesa. Foram analisados 117.082 registros de lactações encerradas, de bovinos da raça Holandesa, para as PL, PG e PP, e 116.747 registros de lactações para os %G e %P, estimados para os 305 dias de lactação. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003. Todas as análises foram realizadas, por meio de inferência Bayesiana, utilizando um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, número de ordenhas e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. Quando os dados foram analisados, supondo-se a existência de heterogeneidade de variância, a PL, em cada uma das sete regiões do Estado do Paraná, foi tratada como uma característica diferente. As médias e os erros-padrão para as PL, PG e PP, em kg, foram de $8181,23 \pm 5,56$, $270,88 \pm 0,20$ e $249,01 \pm 0,16$, respectivamente, e para os %G e %P foram de $3,33 \pm 0,001$ e $3,06 \pm 0,0006$, respectivamente. As estimativas de herdabilidade para PL, PG, PP, %G e %P, obtidas nas análises unicaracter, foram de 0,26, 0,28, 0,25, 0,60 e 0,58, respectivamente. As estimativas de herdabilidade obtidas nas análises tricaracter foram semelhantes às obtidas nas unicaracter. As estimativas das correlações genéticas entre

PL e PG, PL e PP, PG e PP, PL e %G, PL e %P, %G e %P foram 0,56, 0,89, 0,67, -0,42, -0,39 e 0,56, respectivamente. Todas as estimativas foram obtidas com alta precisão. As médias e os respectivos erros-padrão para PL, em kg, nas regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste foram de $8413,96 \pm 8,90$, $8480,56 \pm 12,19$, $7635,77 \pm 14,94$, $7850,29 \pm 11,85$, $8617,44 \pm 28,34$, $7401,46 \pm 23,24$ e $7336,44 \pm 54,94$, respectivamente. Foi verificada a existência de heterogeneidade de variância genética, permanente de ambiente e residual para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná, devendo as regiões de Arapoti e norte serem agrupadas em um único nível de heterogeneidade, por apresentarem homocedasticidade simultaneamente para os efeitos genéticos aditivos, permanente de ambiente e residual. A estimativa de herdabilidade mais alta (0,39) foi obtida para a região oeste do Paraná e a mais baixa (0,23) para a região de Carambeí. As correlações genéticas entre todas as regiões foram baixas (0,09 a 0,57), sendo uma evidência da existência de interação genótipo x ambiente. Após seleção de 5% dos melhores touros de cada região, observou-se que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra, portanto, a interação genótipo x ambiente deve ser considerada na escolha de reprodutores. A não consideração de heterogeneidade de variâncias e da interação genótipo x ambiente pode causar um viés nas avaliações genéticas e conseqüentemente uma seleção incorreta dos animais.

Palavras-chave: Amostrador de Gibbs, avaliação genética, correlação genética, herdabilidade, inferência Bayesiana

ABSTRACT

The objective of this work was to estimate (co)variance components and genetic parameters for milk yield (MY), fat yield (FY), protein yield (PY) and for percentages of fat (%F) and protein (%P), in single-trait and three-trait analyses. It also aimed to verify the occurrence of variance heterogeneity and genotype x environment interaction for MY among different regions in Paraná State and its impact on Holstein sires ranking. 117,082 records of Holstein cows estimated for 305 days of lactations were analyzed for MY, FY and PY, while 116,747 records were used for %F and %P. All animals were officially controlled by the Serviço de Controle Leiteiro Mensal of the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, from January, 1992, to December, 2003. Traits were analysed beyond Bayesian inference, using an animal model which included fixed effects of contemporary group, number of milking and linear and quadratic effects for the covariable calving age, in months. Random effects considered were both the additive genetic and the permanent environment ones. When data were analyzed assuming the occurrence of variance heterogeneity, MY for each one of the seven regions of Paraná State was considered a different characteristic. The means and standard errors for MP, FP and PP, in kg, were 8181.23 ± 5.56 , 270.88 ± 0.20 and 249.01 ± 0.16 , and for %F and %P were 33.33 ± 0.001 and 3.06 ± 0.0006 , respectively. Heritability estimates for MY, FY, PY, %G and %P obtained in single-trait analyses were 0.26, 0.28, 0.25, 0.60 and 0.58, respectively, very close to the ones found in three-trait analyses. The estimates of genetic correlations between MY and FY, MY and PY, FY and PY, MY and %F, MY and %P, and %F and %P were 0.56, 0.89,

0.67, -0.42, -0.39 and 0.56, respectively. All estimates were calculated with high precision. Means and respective standard errors for MY, in kg, for the regions of Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west were 8413.96 ± 8.90 , 8480.56 ± 12.19 , 7635.77 ± 14.94 , 7850.29 ± 11.85 , 8617.44 ± 28.34 , 7401.46 ± 23.24 and 7336.44 ± 54.94 , respectively. There actually was heterogeneity of genetic, permanent environment and residual variances for MY among the regions of Paraná State, so that the regions of Arapoti and north should be gathered in an unique level of heterogeneity, once they showed homogeneity for additive genetic, permanent environment and residual effects. The highest heritability estimate (0.39) was obtained for west region and the lowest (0.23) for Carambeí. Genetic correlations among all regions were low (0.09 to 0.57), indicating the occurrence of genotype x environment interaction. After selecting 5% best bulls of each region, it was observed that best bulls for one region needn't be the best in another one. Consequently, genotype x environment interaction must be considered when sires are chosen. Not considering variance heterogeneity and genotype x environment interaction may cause a bias on genetic evaluations, leading to an incorrect animal selection.

Key Words: Bayesian inference, genetic correlation, genetic evaluation, Gibbs sampler, heritability

INTRODUÇÃO

A estimação correta dos parâmetros genéticos é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, pois permite predizer o valor genético dos animais e a identificação de animais geneticamente superiores. Em consequência das diferenças genéticas da população, de ambiente, do tipo de análise e do método de estimação de componentes de (co)variância, entre outros, estas estimativas podem variar consideravelmente.

Métodos Bayesianos vêm sendo utilizados, desde a década de 80, para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para a avaliação dos animais (Gianola & Fernando, 1986; Van Tassel & Van Vleck, 1996; Sorensen, 1996; Weigel & Rekaya, 2000; Leandro, 2001; Luo et al., 2001; Luo et al., 2002; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003). Estes métodos permitem a análise de grandes conjuntos de dados, não requerem soluções para as equações de modelos mistos e propiciam estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos das características de interesse.

A inferência Bayesiana é uma forma de inferência que os parâmetros em questão são considerados como variáveis aleatórias, tendo uma distribuição inicial, que reflete o estado de conhecimento acumulado (Gianola & Fernando, 1986). Na abordagem

Bayesiana não existe distinção entre estimação de efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios ou estimação de componentes de variância.

Uma das maiores dificuldades técnicas na aplicação de métodos Bayesianos tem sido o processo de obtenção das distribuições marginais de interesse (Gelfand et al., 1990). Segundo Gianola & Fernando (1986), em geral, é impossível a obtenção da distribuição marginal posterior do parâmetro de interesse por processos analíticos, ou mesmo pelos métodos usuais de integração numérica. Várias aproximações têm sido sugeridas e técnicas de integração numérica têm sido utilizadas e, segundo Sorensen (1996), a introdução de Métodos de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov (MCMC), tem contribuído para a utilização de métodos Bayesianos no melhoramento animal.

Os MCMC, dentre os quais se destaca o Amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler - GS*), podem ser utilizados de forma a proporcionar uma inferência Bayesiana. GS é uma técnica de integração numérica por simulação, muito usual em situações nas quais a integração analítica completa é impossível.

Uma das dificuldades da utilização dos MCMC é que, em casos de modelos complexos, estes métodos exigem um esforço computacional muito grande para computar os processos iterativos das Cadeias de Markov à distribuição de equilíbrio, devido à correlação entre os valores amostrais gerados. Porém, esses esforços podem ser minimizados com a monitoração da convergência, evitando que sejam executadas iterações além das necessárias.

Atualmente, os diagnósticos mais utilizados para monitorar a convergência são os de Heidelberger & Welch (1983), Gelman & Rubin (1992), Geweke (1992) e Raftery & Lewis (1992), por apresentarem facilidade de implementação e interpretação. Além da

utilização dos diagnósticos, a monitoração da convergência da cadeia pode ser feita também por meio de análise gráfica.

A maioria dos programas de avaliação genética de bovinos leiteiros utiliza modelos mistos, que admitem variâncias genéticas aditivas e residuais constantes para todos os rebanhos. Contudo, evidências têm sido encontradas de que a heterogeneidade de variâncias e a interação genótipo x ambiente estão presentes quando os dados se originam de diferentes regiões geográficas e diferentes sistemas de manejo.

A existência de heterogeneidade de variâncias tem sido verificada em gado de leite e os estudos têm demonstrado que fatores como nível de manejo, nível de produção (Boldman & Freeman, 1990; Dong & Mao, 1990; Rekaya et al., 2001), rebanho (Ibáñez et al., 1999; Torres et al., 2000) e região geográfica (Dodenhoff & Swalve, 1998; Costa et al., 2000; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003) causam alteração na variância fenotípica ou em qualquer um de seus componentes.

As diferenças de variâncias dentro de subclasses podem causar diminuição na acurácia da predição de valores de reprodutores, o que pode resultar na seleção incorreta de indivíduos em diferentes ambientes, que resulta na redução do progresso genético (Weigel & Gianola, 1993). Portanto, se a heterogeneidade de variâncias for desconsiderada, animais criados em ambientes com maior variância residual terão seus dados supervalorizados no processo de avaliação genética e animais criados em ambientes com maior variância genética terão seus dados subvalorizados.

Segundo Martins (2002), duas linhas de abordagem da avaliação genética, que pressupõe a heterogeneidade de variâncias têm sido seguidas, sendo que uma propõe o uso de métodos que permitam eliminar a heterogeneidade de variâncias e a outra propõe o uso de métodos que a contemplem. Os métodos que buscam eliminar a heterogeneidade de variâncias consistem na transformação dos dados ou fatores de

ajustamentos, porém alguns trabalhos demonstraram que o uso das transformações (Torres et al., 1999) e de fatores de ajustamento (Dodenhoff & Swalve, 1998; Durães et al., 1999) não eliminaram a heterogeneidade de variância.

A implementação de métodos que contemplam a heterogeneidade de variâncias tem se baseado na utilização de modelos multicaracter, em que a característica que se pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, que pondera adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de (co)variância entre elas.

A interação genótipo x ambiente pode provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, que resulta em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, dependendo do ambiente.

A existência da interação genótipo x ambiente para a produção de leite em bovinos da raça Holandesa tem sido observada em alguns estudos, entre diferentes países (Stanton et al., 1991; Costa et al., 2000; Zwald et al., 2003; Cerón-Muñoz et al., 2004), estados (Falcão, 2003) e regiões (Rekaya et al., 2003). Estes autores verificaram que a existência de interação genótipo x ambiente se deve a grandes diversidades entre fatores climáticos, sistemas de alimentação e manejo entre as diferentes regiões.

Tendo em vista que muitos genótipos considerados superiores em uma região podem não ser o mesmo em outras, visto que o genótipo e o ambiente podem interagir, influenciando o fenótipo do animal, a existência de interação genótipo x ambiente deve ser considerada na avaliação genética dos animais. A não consideração da interação genótipo x ambiente implica na alteração da classificação dos animais (Stanton et al.,

1991; Costa et al., 2000; Cerón-Muñoz et al., 2004) e na escolha de touros inadequados em determinadas regiões, reduzindo o progresso genético dos rebanhos.

LITERATURA CITADA

- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variance by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.2, p.503-512, 1990.
- CERÓN-MUÑOZ, M.F.; TONHATI, H.; COSTA, C.N. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.2687-2692, 2004.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.
- DODENHOFF, J.; SWALVE, H.H. Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. **Livestock Production Science**. v.53, p.225-236, 1998.
- DONG, M.C.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.3, p.843-851, 1990.
- DURÃES, M.C.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; VALENTE, J.; MARTINEZ, M.L. Fatores de ajustamento para a produção de leite e gordura na raça Holandesa para rebanhos do Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1231-1238, 1999.
- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano**, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- GELFAND, A.E., RACINE-POON, A., SMITH, A.F.M. Illustration of Bayesian inference in normal data models using Gibbs sampling. **Journal of the American Statistical Association**, v.85, n.412, p.972-985, 1990.
- GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, Hayward, v.7, n.4, p.457-511, 1992.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M.(Ed.) **Bayesian Statistics 4**. Oxford: University Press, 1992. p.625-631.

- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-277, 1986.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.
- IBÁÑEZ, M.A.; CARABANO, M.J.; ALENDA, R. Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish holstein-friesian population and impact of genetic evaluation. **Livestock Production Science**. v.59, p.33-49, 1999.
- LEANDRO, R.A. **Introdução à estatística Bayesiana**. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46 E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9. ESALQ/USP, Piracicaba, SP, 51p. 2001.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.84, n.3, p.694-704, 2001.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using bayesian methods. **Livestock Production Science**. v.74, p.175-184, 2002.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PB. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M.(Ed.) **Bayesian Statistics 4**. Oxford: University Press, 1992. p.763-773.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Application of a structural model for genetic covariances in international dairy sire evaluations. **Journal of Dairy Science**, v. 84, p.1525-1530, 2001.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics. Intern report**, n.82, Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996.
- STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. **Journal of Dairy Science**, v.74, p.1700-1714, 1991.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A. Ajustamento para heterogeneidade de variância para a produção de leite entre rebanhos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.2, p.295-303, 1999.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO, C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059, 2000.

- VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.
- WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.
- WEIGEL, K.A.; REKAYA, R. A multiple-trait herd cluster model for international dairy sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.815-821, 2000.
- ZWALD, N.R.; WEIGEL, K.A. FIKSE, W.F.; REKAYA, R. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.1009-1018, 2003.

OBJETIVOS GERAIS

Os objetivos deste trabalho foram comparar estimativas de componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as produções de leite, de gordura e de proteína, e para os percentuais de gordura e de proteína, estimados para os 305 dias de lactação, de vacas da raça Holandesa no Estado do Paraná, em análises unicaracter e tricaracter, e verificar a existência de heterogeneidade de variâncias e da interação genótipo x ambiente para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná, utilizando um modelo multicaracter, por meio de inferência Bayesiana.

Estimação de Componentes de (Co)Variância e Parâmetros Genéticos para Características Produtivas de Bovinos da Raça Holandesa no Estado do Paraná

RESUMO: Os objetivos deste trabalho foram comparar estimativas de componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), e para os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P), em análises unicaracter e tricaracter. Foram analisados 117.082 registros de lactações encerradas de vacas da raça Holandesa, no Estado do Paraná, para as PL, PG e PP, e 116.747 registros para os %G e de %P, estimados para os 305 dias de lactação. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003. A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, para todas as características analisadas foi realizada por meio de inferência Bayesiana, utilizando um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, número de ordenhas e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. As médias e os erros-padrão para as PL, PG e PP, em kg, foram de $8181,23 \pm 5,56$, $270,88 \pm 0,20$ e $249,01 \pm 0,16$, respectivamente, e para os %G e %P foram de $3,33 \pm 0,001$ e $3,06 \pm 0,0006$, respectivamente. As estimativas de herdabilidade para PL, PG, PP, %G e %P, obtidas nas análises unicaracter, foram de 0,26, 0,28, 0,25, 0,60 e 0,58, respectivamente, e as estimativas de herdabilidade obtidas nas análises tricaracter foram semelhantes às obtidas nas unicaracter. As estimativas das correlações genéticas entre PL e PG, PL e PP, PG e PP, PL e %G, PL e %P, %G e %P foram 0,56, 0,89, 0,67, -0,42, -0,39 e 0,56, respectivamente. Todas as estimativas foram obtidas com alta precisão.

Palavras-chave: Amostrador de Gibbs, composição do leite, correlação genética, herdabilidade, Inferência Bayesiana

**Estimation of (Co)variance Components and Genetic Parameters for
Production Characteristics of Holstein Cows in Paraná State**

ABSTRACT: The objectives of this work was to estimate (co)variance components and genetic parameters for milk yield (MY), fat yield (FY), protein yield (PY) and for percentages of fat (%F) and protein (%P), in single-trait and three-trait analyses. 117,082 records of Holstein cows estimated for 305 days of lactations were analyzed for MY, FY and PY, while 116,747 records were used for %F and %P. All animals were officially controlled by the Serviço de Controle Leiteiro Mensal of the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, from January, 1992, to December, 2003. The estimation of (co)variance components and genetic parameters for all analyzed traits was performed beyond Bayesian inference, using an animal model which included fixed effects of contemporary group, number of milking and linear and quadratic effects for the covariable calving age, in months. Random effects considered were both the additive genetic and the permanent environment ones. The means and standard errors for MY, FY and PY, in kg, were 8181.23 ± 5.56 , 270.88 ± 0.20 and 249.01 ± 0.16 , and for %F and %P were 33.33 ± 0.001 and 3.06 ± 0.0006 , respectively. Heritability estimates for MY, FY, PY, %G and %P obtained in single-trait analyses were 0.26, 0.28, 0.25, 0.60 and 0.58, respectively, very close to the ones found in three-trait analyses. The estimates of genetic correlation between MY and FY, MY and PY, FY and PY, MY and %F, MY and %P and for %F and %P were 0.56, 0.89, 0.67, -0.42, -0.39 and 0.56, respectively. All estimates were obtained with high precision.

Key Words: Bayesian inference, genetic correlation, Gibbs sampler, heritability, milk composition

Introdução

Em programas de melhoramento genético, é fundamental a estimação acurada de parâmetros genéticos. Em consequência das diferenças genéticas da população, de ambiente, do tipo de análise e do método de estimação de componentes de (co)variância, entre outros, estas estimativas podem variar consideravelmente.

O aperfeiçoamento de métodos de estimação de componentes de (co)variância tem sido constante entre os pesquisadores e, assim, novos métodos têm surgido. Recentemente, métodos Bayesianos vêm sendo utilizados para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para a avaliação dos animais (Van Tassel & Van Vleck, 1996; Sorensen, 1996; Leandro, 2001; Luo et al., 2001; Luo et al., 2002; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003). Esses métodos permitem a análise de grandes conjuntos de dados, não requerem soluções para as equações de modelos mistos e propiciam estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos das características de interesse.

Os métodos de integração de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov (MCMC), dentre os quais se destaca o Amostrador de Gibbs (*Gibbs Sampler - GS*), podem ser utilizados de forma a proporcionar uma inferência Bayesiana. GS é uma técnica de integração numérica por simulação, muito usual em situações nas quais a integração analítica completa é impossível.

A inferência Bayesiana é uma forma de inferência que os parâmetros em questão são considerados como variáveis aleatórias, tendo uma distribuição inicial, que reflete o estado de conhecimento acumulado (Gianola & Fernando, 1986).

O objetivo deste trabalho foi comparar estimativas de componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as produções de leite, de gordura e de

proteína, e para os percentuais de gordura e de proteína, estimados para os 305 dias de lactação, de vacas da raça Holandesa no Estado do Paraná, obtidos por meio de inferência Bayesiana, em análises unicaracter e tricaracter.

Material e Métodos

Foram disponibilizados 195.886 registros de lactações encerradas de vacas da raça Holandesa pelo Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná (PARLPR), desenvolvido em convênio com a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), localizada em Curitiba, Paraná. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da APCBRH, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003.

Para garantir a consistência das informações, o conjunto de dados original foi editado, com o uso do programa computacional SAS[®] (*Statistical Analysis System*) (2000), sendo impostas restrições que resultaram na eliminação de observações inconsistentes. Também foram eliminadas informações de vacas, cujos pais tinham menos de 8 filhas ou procediam de rebanhos que possuíam menos de 10 lactações.

Foram definidas duas estações de parto, sendo uma do mês de abril a setembro e outra do mês de outubro a março, e criados grupos de contemporâneos formados por lactações pertencentes ao mesmo rebanho, com o mesmo ano e estação de parição. Foram mantidas apenas informações pertencentes à grupos de contemporâneos que apresentaram 10 observações ou mais.

Após a aplicação de todas as restrições, o conjunto de dados final permaneceu com 117.082 registros de lactações para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), estimados para os 305 dias de lactação, de 49.676 vacas, provenientes

de 308 rebanhos. E com 116.747 registros de lactações para os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P), estimados para os 305 dias de lactação, de 49.612 vacas, provenientes de 308 rebanhos.

A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, para todas as características analisadas, foi realizada utilizando abordagem Bayesiana, por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995).

Primeiramente, foram realizadas análises unicaracter, para cada uma das características PL, PG, PP, %G e %P. Posteriormente, foram realizadas duas análises tricaracter, uma envolvendo PL, PG e PP, e outra envolvendo PL, %G e %P.

Para todas as análises, foi utilizado um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos, número de ordenhas e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. Para as análises unicaracter, foi utilizado o modelo animal descrito a seguir:

$$y = X\beta + Zu + e$$

sendo: $Z = [Z_1 \ Z_2]$ e $u = \begin{bmatrix} a \\ p \end{bmatrix}$

em que:

y é o vetor de observações;

X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência dos efeitos fixos, efeitos genéticos aditivos e permanentes de ambiente, respectivamente;

β , a , p e e são os vetores dos efeitos fixos, genéticos aditivos, permanentes de ambiente e dos erros aleatórios associado a cada observação, respectivamente.

Para as análises tricaracter, o modelo animal utilizado foi:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{1_1} & 0 & 0 \\ 0 & Z_{1_2} & 0 \\ 0 & 0 & Z_{1_3} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{2_1} & 0 & 0 \\ 0 & Z_{2_2} & 0 \\ 0 & 0 & Z_{2_3} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ p_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1 , y_2 e y_3 são os vetores de observações para PL, PG e PP, ou para PL, %G e %P, respectivamente;

X_1 , X_2 e X_3 são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, contidas nos vetores β_1 , β_2 e β_3 ;

Z_{1_1} , Z_{1_2} e Z_{1_3} são as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos, contidas nos vetores a_1 , a_2 e a_3 ;

Z_{2_1} , Z_{2_2} e Z_{2_3} são as matrizes de incidência dos efeitos permanentes de ambiente, contidas nos vetores p_1 , p_2 e p_3 ;

e_1 , e_2 , e e_3 são os vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores y_1 , y_2 e y_3 .

Admitiu-se que y , u e e possuem distribuição conjunta normal multivariada, para as análises unicaracter e tricaracter, sendo que para as análises unicaracter:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z\Sigma & I_q\sigma_e^2 \\ \Sigma Z' & \Sigma & 0 \\ I_q\sigma_e^2 & 0 & I_q\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$$V = Z\Sigma Z' + I_q\sigma_e^2 \quad e \quad \Sigma = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I_m\sigma_p^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

A a matriz de parentesco entre os animais;

I_m uma matriz identidade, de ordem m , sendo m igual ao número de vacas;

I_q uma matriz identidade, de ordem q , sendo q igual ao número de lactações;

σ_a^2 o componente de variância genética aditiva;

σ_p^2 o componente de variância permanente de ambiente;

σ_e^2 o componente de variância residual;

e para as análises tricaracter:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z\Sigma & R \otimes I_q \\ \Sigma Z' & \Sigma & 0 \\ R \otimes I_q & 0 & R \otimes I_q \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$$V = Z\Sigma Z' + R \otimes I_q \quad \text{e} \quad \Sigma = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 \\ 0 & P \otimes I_m \end{bmatrix}$$

sendo:

G a matriz de (co)variância genética aditiva entre as características, dada por:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_1 a_3} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2 a_3} \\ \sigma_{a_1 a_3} & \sigma_{a_2 a_3} & \sigma_{a_3}^2 \end{bmatrix};$$

P a matriz de (co)variância dos efeitos permanentes de ambiente entre as características, dada por:

$$P = \begin{bmatrix} \sigma_{p_1}^2 & \sigma_{p_1 p_2} & \sigma_{p_1 p_3} \\ \sigma_{p_1 p_2} & \sigma_{p_2}^2 & \sigma_{p_2 p_3} \\ \sigma_{p_1 p_3} & \sigma_{p_2 p_3} & \sigma_{p_3}^2 \end{bmatrix};$$

R a matriz de (co)variância residual entre as características, dada por:

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} \\ \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2e_3} \\ \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix};$$

tal que:

$\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ são as variâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, das i características, sendo $i = 1, 2$ e 3 para PL, PG e PP, ou para PL, %G e %P, respectivamente;

$\sigma_{a_i a_j}$, $\sigma_{p_i p_j}$ e $\sigma_{e_i e_j}$ são as (co)variâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, entre as características i e j , sendo i e $j = 1, 2$ e 3 para PL, PG e PP, ou para PL, %G e %P, respectivamente.

Para os efeitos fixos, foi assumida uma distribuição inicial uniforme, em todas as análises realizadas.

Nas análises unicaracter, para os componentes de variância genética aditiva, permanente de ambiente e residual foi considerado que σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 possuem distribuição de Gama Invertida (Γ), na forma: $\sigma_a^2 \sim \Gamma(g_0, \nu_g)$, $\sigma_p^2 \sim \Gamma(p_0, \nu_p)$ e $\sigma_e^2 \sim \Gamma(s_0, \nu_e)$, em que:

$$f(\sigma_a^2 | g_0, \nu_g) \propto (\sigma_a^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_g+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(g_0\sigma_a^{-2})}$$

$$f(\sigma_p^2 | p_0, \nu_p) \propto (\sigma_p^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_p+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(p_0\sigma_p^{-2})}$$

$$f(\sigma_e^2 | s_0, \nu_e) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_e+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(s_0\sigma_e^{-2})}$$

sendo que:

ν_g , ν_p e ν_e são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de

crença que se tem acerca dos parâmetros σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 , respectivamente;

g_0 , p_0 e s_0 são os parâmetros escala das distribuições de σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 ,

respectivamente, representadas por:

$$g_0 = \frac{\sigma_a^{2*}}{v_g^*} = \frac{\sigma_a^{2*}}{(v_g - 2)}$$

$$p_0 = \frac{\sigma_p^{2*}}{v_p^*} = \frac{\sigma_p^{2*}}{(v_p - 2)}$$

$$s_0 = \frac{\sigma_e^{2*}}{v_e^*} = \frac{\sigma_e^{2*}}{(v_e - 2)}$$

em que σ_a^{2*} , σ_p^{2*} e σ_e^{2*} são os *priors* dos componentes de σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 , respectivamente.

A função de densidade de probabilidade conjunta posterior para todos os parâmetros desconhecidos, nas análises unicaracter, é dada pela seguinte expressão:

$$\begin{aligned} & f(\beta, u, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2 \mid y, v_g, g_0, v_p, p_0, v_e, s_0) \\ & \propto f(y \mid \beta, u, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2) \cdot f(u \mid \sigma_a^2, \sigma_p^2) \cdot f(\beta) \cdot f(\sigma_a^2 \mid v_g, g_0) \cdot f(\sigma_p^2 \mid v_p, p_0) \cdot f(\sigma_e^2 \mid v_e, s_0) \\ & \propto \sigma_a^2 \mid^{-\frac{1}{2}(n+v_g+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[a'(A^{-1}\sigma_a^{-2})a + (v_g - 2)(g_0\sigma_a^{-2})]\right\} \\ & \quad \cdot \left[\left| \sigma_p^2 \right|^{-\frac{1}{2}(m+v_p+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[p'(I_m\sigma_p^{-2})p + (v_p - 2)(p_0\sigma_p^{-2})]\right\} \right] \\ & \quad \cdot \left[\left| \sigma_e^2 \right|^{-\frac{1}{2}(q+v_e+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[(v_e - 2)(s_0\sigma_e^{-2})]\right\} \right] \\ & \quad \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)' \sigma_e^{-2} (y - X\beta - Zu)\right\}. \end{aligned}$$

sendo que:

n é o número de animais; m é o número de vacas e q é o número de lactações.

Nas análises tricaracter, para os componentes de (co)variância genética aditiva, permanente de ambiente e residual, foi considerado que G , P e R possuem distribuição de Wishart Invertida (IW) na forma: $G \sim IW(G_0, v_g)$, $P \sim IW(P_0, v_p)$ e $R \sim IW(R_0, v_e)$, em que:

$$f(G | G_0, v_g) \propto |G|^{-\frac{1}{2}(v_g + m_g + 1)} .e^{-\frac{1}{2}tr(G_0^{-1}G^{-1})}$$

$$f(P | P_0, v_p) \propto |P|^{-\frac{1}{2}(v_p + m_p + 1)} .e^{-\frac{1}{2}tr(P_0^{-1}P^{-1})}$$

$$f(R | R_0, v_e) \propto |R|^{-\frac{1}{2}(v_e + m_e + 1)} .e^{-\frac{1}{2}tr(R_0^{-1}R^{-1})}$$

sendo que:

m_g , m_p e m_e são as ordens das matrizes G , P e R , respectivamente;

G_0 , P_0 e R_0 são as matrizes de parâmetro escala das distribuições G , P e R , respectivamente, representadas por:

$$G_0 = \frac{G^*}{v_g^*} = \frac{G^*}{(v_g - m_g - 1)}$$

$$P_0 = \frac{P^*}{v_p^*} = \frac{P^*}{(v_p - m_p - 1)}$$

$$R_0 = \frac{R^*}{v_e^*} = \frac{R^*}{(v_e - m_e - 1)}$$

em que G^* , P^* e R^* são as matrizes de *priors* dos componentes de variância contidos em G , P e R , respectivamente.

A função de densidade de probabilidade conjunta posterior para todos os parâmetros desconhecidos, nas análises tricaracter, é dada pela seguinte expressão:

$$\begin{aligned}
& f(\beta, u, G, P, R | y, v_g, G_o, v_p, P_o, v_e, R_o) \\
& \propto f(y | \beta, u, R). f(u | G, P). f(\beta). f(G | v_g, G_o). f(P | v_p, P_o). f(R | v_e, R_o) \\
& \propto |G|^{-\frac{1}{2}(n+v_g+m_g+1)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}\left[a'(G^{-1} \otimes A^{-1})a + \text{tr}(v_g^* G_o G^{-1})\right]\right\} \\
& \quad \cdot \left[|P|^{-\frac{1}{2}(m+v_p+m_p+1)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}\left[p'(P^{-1} \otimes I_m^{-1})p + \text{tr}(v_p^* P_o P^{-1})\right]\right\} \right] \\
& \quad \cdot \left[|R|^{-\frac{1}{2}(q+v_e+m_e+1)} \cdot \exp\left\{\text{tr}\left(-\frac{v_e^*}{2} R_o R^{-1}\right)\right\} \right] \\
& \quad \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)' R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right\}.
\end{aligned}$$

Tanto para as análises unicaracter como para as tricaracter, foram geradas cadeias de Gibbs de 120.000 iterações, com um descarte inicial de 20.000 iterações e um intervalo de amostragem de 100 iterações, sendo obtidas 1.000 amostras dos componentes de (co)variância para cada análise realizada.

A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análise gráfica e por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004).

Foram construídos os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade para todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados, em nível de 90%.

Resultados e Discussão

As médias e os erros-padrão para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, estimados para os 305 dias de lactação, foram de $8181,23 \pm 5,56$, $270,88 \pm 0,20$ e $249,01 \pm 0,16$, respectivamente, e para os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P) foram de $3,33 \pm 0,001$ e $3,06 \pm 0,0006$, respectivamente.

Houve indicação de convergência para todas as cadeias por meio de análise gráfica e da utilização dos testes de diagnóstico, tanto nas análises unicaracter como nas tricaracter.

Na Tabela 1, estão apresentadas as estimativas e o coeficiente de variação dos componentes de variância e de herdabilidade para PL, PG, PP, %G e %P, obtidas nas análises unicaracter. As estimativas de todos os componentes desta análise foram obtidas com grande precisão, pois apresentaram um baixo coeficiente de variação.

Os intervalos de credibilidade e região de alta densidade, dos componentes de variância e de herdabilidade para PL, PG, PP, %G e %P, obtidos nas análises unicaracter, encontram-se na Tabela 2.

As estimativas e os coeficientes de variação dos componentes de (co)variância e de herdabilidade para PL, PG e PP e para PL, %G e %P, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, obtidas nas análises tricaracter, estão apresentadas nas Tabelas 3 e 4, respectivamente. As estimativas de todos os componentes estimados nas análises tricaracter foram obtidas com grande precisão, assim como nas análises unicaracter.

Os valores dos intervalos de credibilidade e região de alta densidade de cada parâmetro estimado estão muito próximos um do outro (Tabelas 2, 3 e 4), e para alguns componentes são coincidentes, indicando que existe simetria nas distribuições posteriores de todos os parâmetros estimados, tanto nas análises unicaracter como nas tricaracter.

Tabela 1 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância e de herdabilidade para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e para os percentuais de gordura (%G) e proteína (%P), obtidas nas análises unicaracter.

Table 1 – Estimates and respective variation coefficient of variance components and heritability for milk, fat and protein yields, in kg, and for fat and protein percentages, obtained in single-trait analyses.

Características <i>Traits</i>	Parâmetros ¹ <i>Parameters¹</i>	Médias <i>Averages</i>	Coeficientes de variação <i>Variations coefficient</i>
PL	σ_a^2	502539	0,0014
	σ_p^2	348232	0,0017
	σ_e^2	1055227	0,0009
	σ_f^2	1905998	0,0007
	h_a^2	0,26	1,95
PG	σ_a^2	660,3	0,0389
	σ_p^2	420,1	0,0488
	σ_e^2	1305,9	0,0277
	σ_f^2	2386,3	0,0205
	h_a^2	0,28	1,90
PP	σ_a^2	405,6	0,0497
	σ_p^2	299,8	0,0578
	σ_e^2	893,8	0,0334
	σ_f^2	1599,1	0,0250
	h_a^2	0,25	1,98
%G	σ_a^2	0,095	3,24
	σ_p^2	0,022	6,69
	σ_e^2	0,042	4,88
	σ_f^2	0,16	2,50
	h_a^2	0,60	1,29
%P	σ_a^2	0,017	7,65
	σ_p^2	0,004	16,93
	σ_e^2	0,009	10,60
	σ_f^2	0,029	5,82
	h_a^2	0,58	1,31

¹ σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_p^2 = variância permanente de ambiente, σ_e^2 = variância residual, σ_f^2 = variância fenotípica e h_a^2 = herdabilidade.

¹ σ_a^2 = additive genetic variance, σ_p^2 = permanent environment variance, σ_e^2 = residual variance, σ_f^2 = phenotypic variance and h_a^2 = heritability.

Tabela 2 – Intervalo de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, para os componentes de variância e de herdabilidade para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e para os percentuais de gordura (%G) e proteína (%P), obtidas nas análises unicaracter.

Table 2 – Credibility interval and high density region, up to 90% level, of variance components and heritability for milk, fat and protein yields, in kg, and for fat and protein percentages, obtained in single- trait analyses.

Características <i>Traits</i>	Parâmetros ¹ <i>Parameters¹</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
PL	σ_a^2	472490 – 531564	471218 – 529588
	σ_p^2	326056 – 370553	325899 – 370167
	σ_e^2	1045167 – 1064423	1045174 – 1064418
	σ_f^2	1887748 – 1923420	1889782 – 1925357
	h_a^2	0,25 – 0,28	0,25 – 0,28
PG	σ_a^2	623,3 – 695,2	623,8 – 695,2
	σ_p^2	391,9 – 447,1	393,8 – 447,9
	σ_e^2	1293,5 – 1317,9	1294,9 – 1318,6
	σ_f^2	2363,7 – 2408,7	2365, 2 – 2409,9
	h_a^2	0,26 – 0,29	0,26 – 0,29
PP	σ_a^2	380,3 – 429,3	379,0 – 427,4
	σ_p^2	281,7 – 318,3	281,6 – 318,1
	σ_e^2	885,2 – 901,8	885,1 – 901,4
	σ_f^2	1584,2 – 1613,5	1584,2 – 1613,3
	h_a^2	0,24 – 0,27	0,24 – 0,27
%G	σ_a^2	0,092 – 0,099	0,092 – 0,099
	σ_p^2	0,020 – 0,024	0,020 – 0,024
	σ_e^2	0,041 – 0,042	0,041 – 0,042
	σ_f^2	0,15 – 0,16	0,15 – 0,16
	h_a^2	0,58 – 0,61	0,58 – 0,61
%P	σ_a^2	0,017 – 0,018	0,017 – 0,018
	σ_p^2	0,003 – 0,004	0,003 – 0,004
	σ_e^2	0,008 – 0,009	0,008 – 0,009
	σ_f^2	0,029 – 0,030	0,029 – 0,030
	h_a^2	0,57 – 0,59	0,57 – 0,59

¹ σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_p^2 = variância permanente de ambiente, σ_e^2 = variância residual, σ_f^2 = variância fenotípica e h_a^2 = herdabilidade.

¹ σ_a^2 = additive variance, σ_p^2 = permanent environment variance, σ_e^2 = residual variance, σ_f^2 = phenotypic variance and h_a^2 = heritability.

Tabela 3 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de (co)variância¹ e herdabilidade (h_a^2) para as produções de leite (PL), de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas na análise tricaracter.

Table 3 – Estimates and respective variation coefficients of (co)variance components and heritability(h_a^2) for milk, fat and protein yield, in kg, with their respective credibility intervals and high density region, up to 90% level, obtained in three-trait analysis.

Estimativas ¹ <i>Estimates¹</i>	Média <i>Average</i>	Coeficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
$\sigma_{a_1}^2$	512766	0,0014	484272 – 540876	484236 – 540710
$\sigma_{a_{1,2}}$	10533,6	0,0097	9748,9 – 11377,4	9769,8 – 11391,9
$\sigma_{a_{1,3}}$	13331,3	0,0087	12535,9 – 14136,1	12507,4 – 14092,5
$\sigma_{a_2}^2$	678,5	0,0384	650,0 – 707,8	648,5 – 705,6
$\sigma_{a_{2,3}}$	365,2	0,0523	342,9 – 389,9	341,4 – 387,1
$\sigma_{a_3}^2$	441,8	0,0476	419,0 – 465,1	417,5 – 462,5
$\sigma_{p_1}^2$	341869	0,0017	320084 – 364158	322844 – 366586
$\sigma_{p_{1,2}}$	8950,2	0,0106	8345,2 – 9536,0	8343,9 – 9531,6
$\sigma_{p_{1,3}}$	9407,8	0,0103	8802,6 – 10021,9	8874,3 – 10052,8
$\sigma_{p_2}^2$	443,0	0,0475	421,9 – 464,7	420,4 – 462,4
$\sigma_{p_{2,3}}$	284,6	0,0593	267,5 – 301,5	265,7 – 299,4
$\sigma_{p_3}^2$	305,0	0,0573	288,7 – 322,0	288,5 – 321,4
$\sigma_{e_1}^2$	1054146	0,0009	1044632 – 1063276	1045096 – 1063457
$\sigma_{e_{1,2}}$	31686,0	0,0056	31380,4 – 31980,1	31407,2 – 32001,3
$\sigma_{e_{1,3}}$	29630,3	0,0058	29355,7 – 29899,0	29376,7 – 29911,9
$\sigma_{e_2}^2$	1313,5	0,0276	1302,1 – 1325,1	1301,8 – 1324,7
$\sigma_{e_{2,3}}$	917,5	0,0330	908,6 – 926,0	908,9 – 926,3
$\sigma_{e_3}^2$	897,7	0,0334	889,6 – 905,6	889,4 – 905,2
$h_{a_1}^2$	0,27	1,93	0,26 – 0,28	0,26 – 0,28
$h_{a_2}^2$	0,28	1,90	0,27 – 0,29	0,27 – 0,29
$h_{a_3}^2$	0,27	1,94	0,26 – 0,28	0,26 – 0,28

¹ $\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ são as variâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, das i características, sendo $i = 1, 2$ e 3 para PL, PG e PP; ¹ $\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ and $\sigma_{e_i}^2$ are additive genetic, permanent environment and residual variances, respectively, of i characteristics, being $i=1, 2$ and 3 for MY, FY and PY. ¹ $\sigma_{a_{ij}}$, $\sigma_{p_{ij}}$ e $\sigma_{e_{ij}}$ são as covariâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, entre as características i e j , sendo i e $j = 1, 2$ e 3 para PL, PG e PP; ¹ $\sigma_{a_{ij}}$, $\sigma_{p_{ij}}$ and $\sigma_{e_{ij}}$ are additive genetic, permanent environment and residual covariances, respectively, between i and j characteristics, being i and $j = 1, 2$ and 3 for milk, fat and protein yields.

Tabela 4 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de (co)variância¹ e herdabilidade (h_a^2) para as produções de leite (PL), e os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P), com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas na análise tricaracter.

Table 4 – Estimates and respective variation coefficients of (co)variance components and heritability(h_a^2) for milk yield and percentages of fat and protein, with their respective credibility interval and high density region, up to 90% level, obtained in three-trait analysis.

Estimativas ¹ <i>Estimates¹</i>	Média <i>Average</i>	Coeficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de Alta Densidade <i>High density region</i>
$\sigma_{a_1}^2$	504800	0,0014	476239 – 533166	476171 – 532980
$\sigma_{a_{1,2}}$	-92,58	0,1039	-99,95 – (-85,20)	-99,77 – (-85,10)
$\sigma_{a_{1,3}}$	-37,24	0,1639	-40,15 – (-34,44)	-40,17 – (-34,54)
$\sigma_{a_2}^2$	0,096	3,23	0,092 – 0,099	0,093 – 0,099
$\sigma_{a_{2,3}}$	0,023	6,63	0,022 – 0,024	0,022 – 0,024
$\sigma_{a_3}^2$	0,017	7,58	0,017 – 0,018	0,017 – 0,018
$\sigma_{p_1}^2$	346800	0,0017	325760 – 367143	323686 – 364382
$\sigma_{p_{1,2}}$	-22,29	0,2118	-26,82 – (-17,41)	-26,88 – (-17,62)
$\sigma_{p_{1,3}}$	-7,51	0,3649	-9,28 – (-5,75)	-9,29 – (-5,79)
$\sigma_{p_2}^2$	0,021	6,80	0,020 – 0,023	0,020 – 0,023
$\sigma_{p_{2,3}}$	0,003	16,98	0,003 – 0,004	0,003 – 0,004
$\sigma_{p_3}^2$	0,003	17,63	0,003 – 0,004	0,003 – 0,004
$\sigma_{e_1}^2$	1052000	0,0009	1042655 – 1061322	1042636 – 1061139
$\sigma_{e_{1,2}}$	-38,84	0,1605	-40,21 – (-37,46)	-40,13 – (-37,42)
$\sigma_{e_{1,3}}$	-30,69	0,1806	-31,31 – (-30,06)	-31,31 – (-30,06)
$\sigma_{e_2}^2$	0,042	4,88	0,041 – 0,042	0,041 – 0,042
$\sigma_{e_{2,3}}$	0,004	16,17	0,003 – 0,004	0,003 – 0,004
$\sigma_{e_3}^2$	0,009	10,60	0,008 – 0,009	0,008 – 0,009
$h_{a_1}^2$	0,27	1,93	0,25 – 0,28	0,25 – 0,28
$h_{a_2}^2$	0,60	1,29	0,59 – 0,62	0,59 – 0,62
$h_{a_3}^2$	0,59	1,30	0,58 – 0,60	0,58 – 0,60

¹ $\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ são as variâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, das i características, sendo $i = 1, 2$ e 3 para PL, %G e %P; ¹ $\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ and $\sigma_{e_i}^2$ are additive genetic, permanent environment and residual variances, respectively, of i characteristics, being $i=1, 2$ and 3 for PL, %G and %P. ¹ $\sigma_{a_{ij}}$, $\sigma_{p_{ij}}$ e $\sigma_{e_{ij}}$ são as covariâncias genética aditiva, de efeito permanente de ambiente e de efeito residual, respectivamente, entre as características i e j , sendo i e $j = 1, 2$ e 3 para PL, %G e %P; ¹ $\sigma_{a_{ij}}$, $\sigma_{p_{ij}}$ and $\sigma_{e_{ij}}$ are additive genetic, permanent environment and residual covariances, respectively, between i and j characteristics, being i and $j = 1, 2$ and 3 for milk yield and percentages of fat and protein.

Pode-se observar que não houve alteração na estimativa de nenhum dos componentes estimados, comparando-se as análises unicaracter (Tabela 1) com as tricaracter (Tabelas 3 e 4).

As estimativas de herdabilidade encontradas, neste trabalho, são semelhantes às observadas por Costa et al. (2000), Freitas et al. (2001), Falcão (2003), Rekaya et al. (2003) e Urioste et al., (2003), para PL; por Almeida et al. (1997), para PL, PG, e %G e por Chauhan & Hayes (1991) para PL, PG, PP, %G e %P.

Ferreira & Fernandes (2000) encontraram valores de herdabilidade para PL e PG igual a 0,18, sendo esses valores inferiores aos encontrados neste trabalho.

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre PL, PG e PP e entre PL, %G e %P estão apresentadas na Tabela 5. As análises dos resultados indicam que a seleção realizada para aumentar a para PL promoverá aumento na PG e PP e redução nos %G e %P.

As estimativas de correlação genética para as características produtivas da raça Holandesa, no Estado do Paraná, também foram obtidas por Ribas et al. (1993) e Almeida et al. (1997). Ribas et al. (1993) encontraram correlações genéticas entre PL e PG e PL e %G igual a 0,78 e -0,13, respectivamente, sendo que as correlações para PL e PG foram maiores que as obtidas neste trabalho e para PL e %G foram menores. Almeida et al. (1997) encontraram correlações genéticas entre PL e PG e PL e %G igual a 0,52 e -0,41, respectivamente, sendo que esses valores são semelhantes aos resultados encontrados neste trabalho.

Tabela 5 - Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre a produção de leite (PL), com as produções de gordura (PG) e de proteína (PP), em kg, e entre a PL, com os percentuais de gordura (%G) e de proteína (%P).

Table 5 – Estimates of genetic (above diagonal) and phenotypic (below diagonal) correlation between milk yield and fat and protein yields, in kg, and between milk yield and percentage of fat and protein.

Características <i>Traits</i>	PL	PG	PP	%G	%P
PL	-	0,56	0,89	-0,42	-0,39
PG	0,73	-	0,67	-	-
PP	0,92	0,78	-	-	-
%G	-0,28	-	-	-	0,56
%P	-0,32	-	-	0,44	-

Conclusões

As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para as produções de leite, de gordura e de proteína, e para os percentuais de gordura e de proteína, foram as mesmas, tanto nas análises unicaracter como nas tricaracter.

Todas as estimativas foram obtidas com alta precisão, utilizando a inferência Bayesiana.

Literatura Citada

- ALMEIDA, R.; RIBAS, N.P.; MONARDES, H.G. Estudo dos efeitos genéticos sobre as características produtivas de vacas da raça Holandesa na região da Batavo, Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora, MG. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, v.3, 1997, p.68-70.
- CHAUHAN, V.P.S.; HAYES, J.F. Genetic Parameters for first lactation milk production and composition traits Holsteins using multivariate restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, v. 74, p.603-610, 1991.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.

- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano**, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- FERREIRA, G.B.; FERNANDES, H.D. Parâmetros genéticos para características produtivas em bovinos da raça Holandesa no Estado de Goiás. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p.421-426, 2000.
- FREITAS, A.F.; DURÃES, M.C.; VALENTE, J. et al. Parâmetros genéticos para produção de leite e gordura nas três primeiras lactações de vacas Holandesas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.709-713, 2001.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, p.217-277, 1986.
- LOPES, P.S., MARTINS, E.N., SILVA, M.A. et al. 1998. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa: Editora UFV. 61p. (Cadernos didáticos, 39).
- LEANDRO, R.A. **Introdução à estatística Bayesiana**. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46 E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9. ESALQ/USP, Piracicaba, SP, 51p. 2001.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.84, n.3, p.694-704, 2001.
- LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using bayesian methods. **Livestock Production Science**. v.74, p.175-184, 2002.
- R Development Core Team (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- RIBAS, N.P; RORATO, P.R.N; LÔBO, R.B.; FREITAS, M.A; KOEHLER, H.S. Estimativas de parâmetros genéticos para as características de produção da raça holandesa no Estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 22, p.634-641, 1993.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT[®]. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.
- SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. Intern report, n.82, Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996.
- URIOSTE, J.I.; REKAYA, R.; GIANOLA, D.; FIKSE, W.F.; WEIGEL, K.A. Model comparison for genetic evaluation of milk yield in Uruguayan Holsteins. **Livestock Production Science**, v. 84, p.63-73, 2003.
- VAN TASSEL, 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: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.

VAN TASSEL, C.P., VAN VLECK, L.D. Multiple trait Gibbs Sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

Heterogeneidade de Variâncias para Produção de Leite de Bovinos da Raça Holandesa entre Regiões no Estado do Paraná

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi verificar a existência de heterogeneidade de variâncias para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná. Foram analisados 117.082 registros de lactações encerradas para a produção de leite, estimada para os 305 dias de lactação (PL305), de 49.676 vacas da raça Holandesa, provenientes de 308 rebanhos distribuídos em sete regiões do Estado do Paraná. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003. Os dados foram analisados por meio de inferência Bayesiana, sendo que a PL305, em cada uma das regiões do Estado do Paraná, foi tratada como uma característica diferente. O modelo animal utilizado incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, número de ordenhas e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. As médias e os erros-padrão para PL305, em kg, nas regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste foram $8413,96 \pm 8,90$, $8480,56 \pm 12,19$, $7635,77 \pm 14,94$, $7850,29 \pm 11,85$, $8617,44 \pm 28,34$, $7401,46 \pm 23,24$ e $7336,44 \pm 54,94$, respectivamente. Foi verificada a existência de heterogeneidade de variância genética, permanente de ambiente e residual para a PL305 entre as regiões do Estado do Paraná, devendo as regiões de Arapoti e norte serem agrupadas em um único nível de heterogeneidade, por apresentarem homocedasticidade simultaneamente para os efeitos genéticos aditivos, permanente de ambiente e residual. A não consideração de heterogeneidade de variâncias pode causar um viés nas avaliações genéticas e conseqüentemente uma seleção incorreta dos animais.

Palavras-chave: Avaliação genética, bovinos de leite, componentes de variância, inferência Bayesiana

Heterogeneity of Variances for Milk Yield of Holstein Cows among Different Regions in the Paraná State

ABSTRACT: The objective of this work was to verify the occurrence of variance heterogeneity for milk yield among different regions in Paraná State. There were analyzed 117,082 complete records of lactations, estimated for 305 days (MY305), of 49,676 Holstein cows from 308 herds located in seven different regions. All animals were officially controlled by the Serviço de Controle Leiteiro Mensal of the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, from January, 1992, to December, 2003. Data were analyzed beyond Bayesian inference and MY305 was considered a different characteristic in each one of the seven regions of Paraná State. The animal model included fixed effects of contemporary group, number of milking and linear and quadratic effects the covariable calving age, in months. Random effects considered were both the additive genetic and the permanent environment ones. The means and standard errors for MY305, in kg, in Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west regions were 8413.96 ± 8.90 , 8480.56 ± 12.19 , 7635.77 ± 14.94 , 7850.29 ± 11.85 , 8617.44 ± 28.34 , 7401.46 ± 23.24 and 7336.44 ± 54.94 , respectively. There actually was heterogeneity of genetic, permanent environment and residual variances for MY among the regions of Paraná State. Arapoti and north should be gathered in an unique level of heterogeneity, once they showed homogeneity for additive genetic, permanent environment and residual effects. Not considering variance heterogeneity may cause a bias on genetic evaluations, leading to an incorrect animal selection.

Key Words: Bayesian inference, dairy cattle, genetic evaluation, variance components

Introdução

As variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais são parâmetros peculiares da população que está sendo estudada, podendo variar de população para população, de acordo com diversos fatores a que estejam submetidas (Falconer, 1987). Porém, a maioria dos programas de avaliação genética de bovinos leiteiros utiliza modelos mistos, que admitem variâncias genéticas aditivas e residuais constantes para todos os rebanhos e a não consideração de heterogeneidade de variâncias pode levar a um processo de avaliação genética e, conseqüentemente, de seleção viesados.

A existência de heterogeneidade de variâncias tem sido verificada em gado de leite e os estudos têm demonstrado que fatores como nível de manejo e nível de produção (Boldman & Freeman, 1990; Dong & Mao, 1990; Rekaya et al., 2001), rebanho (Ibáñez et al., 1999; Torres et al., 2000; Araújo et al., 2002) e região geográfica (Dodenhoff & Swalve, 1998; Costa et al., 2000; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003) causam alteração na variância fenotípica ou em qualquer um de seus componentes.

A causa da heterogeneidade de variâncias pode ser creditada à diferença da constituição genética da população, causada pela seleção ao longo das gerações, intensidade de seleção ou interação genótipo x ambiente (Martins, 2000).

As diferenças de variâncias dentro de subclasses podem causar diminuição na acurácia da predição de valores de reprodutores, o que pode resultar na seleção incorreta de indivíduos em diferentes ambientes, resultando na redução do progresso genético (Weigel & Gianola, 1993). Portanto, se a heterogeneidade de variâncias for desconsiderada, animais criados em ambientes com maior variância residual terão seus dados supervalorizados no processo de avaliação genética e animais criados em ambientes com maior variância genética terão seus dados subvalorizados.

Segundo Martins (2002), duas linhas de abordagem da avaliação genética, pressupondo a heterogeneidade de variâncias têm sido seguidas, sendo que uma propõe o uso de métodos que permitam eliminar a heterogeneidade de variâncias e a outra propõe o uso de métodos que a contemplem. Os métodos que buscam eliminar a heterogeneidade de variâncias consistem na transformação dos dados ou fatores de ajustamentos, porém alguns trabalhos demonstraram que o uso das transformações (Torres et al., 1999) e de fatores de ajustamento (Durães et al., 1999; Dodenhoff & Swalve, 1998) não eliminaram a heterogeneidade de variância.

A implementação de métodos que a contemplam tem se baseado na utilização de modelos multicaracter, em que a característica que se pretende avaliar é tratada como diferentes características em cada classe de heterogeneidade de variância. Este método permite a estimação dos efeitos fixos de ambiente e a predição dos valores genéticos, ponderando adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade e, ainda, considerando a estrutura de (co)variância entre elas.

Tendo em vista que a não consideração de heterogeneidade de variâncias interfere na avaliação genética dos animais, o objetivo deste trabalho foi verificar a existência de heterogeneidade de variâncias para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná, utilizando um modelo multicaracter, por meio de inferência Bayesiana.

Material e Métodos

Foram disponibilizados 195.886 registros de lactações encerradas de vacas da raça Holandesa pelo Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná (PARLPR), desenvolvido em convênio com a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da

Raça Holandesa (APCBRH), localizada em Curitiba, Paraná. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da APCBRH, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003.

Para garantir a consistência das informações, o conjunto de dados original foi editado, com o uso do programa computacional SAS[®] (*Statistical Analysis System*) (2000), sendo impostas restrições que resultaram na eliminação de observações inconsistentes. Também foram eliminadas informações de vacas, cujos pais tinham menos de 8 filhas ou procediam de rebanhos que possuíam menos de 10 lactações.

Foram definidas duas estações de parto, sendo uma do mês de abril a setembro e outra do mês de outubro a março, e criados grupos de contemporâneos formados por lactações pertencentes ao mesmo rebanho, com o mesmo ano e estação de parição. Foram mantidas apenas informações pertencentes à grupos de contemporâneos que apresentaram 10 observações ou mais.

Após a aplicação de todas as restrições, o conjunto de dados final permaneceu com 117.082 registros de lactações para a produção de leite, estimado para os 305 dias de lactação (PL305), provenientes de rebanhos distribuídos em sete regiões do Estado do Paraná: Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste.

A região norte apresenta clima mesotérmico, sem estação seca, verões quentes e baixa incidência de geadas. A região sul apresenta clima mesotérmico, úmido e super úmido, sem estação seca, inverno rigoroso, geadas severas e frequentes, verões chuvosos e amenos. A região oeste apresenta clima mesotérmico, sem estação seca, inverno rigoroso com média incidência de chuvas e ocorrência de geadas, verões chuvosos e temperatura elevada (SEAB-DERAL, 2000).

Carambeí, Castro, Witmarsum e Arapoti são municípios, pertencentes à micro-região de Ponta-Grossa, e se localizam na região sul do Paraná. Porém, a divisão do

Estado em sete regiões foi feita seguindo a divisão da APCBRH, que agrupa os rebanhos em função das médias das cooperativas associadas a cada rebanho.

Os números de lactações, de vacas, de rebanhos e de grupos de contemporâneos, para a PL305, nas sete regiões do Estado do Paraná, encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Número de lactações, vacas, rebanhos e de grupos de contemporâneos (GC) da produção de leite, estimada para 305 dias de lactação, por região.

Table 1 – Number of records, cows, herds and contemporary groups (CG) for milk yield, estimated for 305 days of lactation, in each region.

Região <i>Region</i>	Lactações <i>Records</i>		Vacas <i>Cows</i>		Rebanhos <i>Herds</i>		GC <i>CG</i>	
	N	%	N	%	N	%	N	%
	1 - Castro	42.128	35,98	17.032	34,29	58	18,83	969
2 - Carambeí	27.289	23,31	12.108	24,37	97	31,50	1.095	29,96
3 - Witmarsum	11.385	9,72	4.533	9,13	35	11,36	414	11,33
4 - Arapoti	22.953	19,60	9.286	18,69	37	12,01	616	16,85
5 - sul	5.227	4,47	2.424	4,88	22	7,14	183	5,01
6 - norte	6.091	5,20	3.168	6,38	41	13,31	256	7,00
7 - oeste	2.009	1,72	1.125	2,26	18	5,85	122	3,34
	117.082	100	49.676	100	308	100	3.655	100

A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, para todas as características analisadas, foi realizada utilizando abordagem Bayesiana, por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995).

Os dados foram analisados supondo-se a existência de heterogeneidade de variância, sendo a PL305, em cada uma das sete regiões do Estado do Paraná, tratada como uma característica diferente.

O modelo animal utilizado incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos, número de ordenhas e efeito linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. Foi utilizado o modelo animal descrito a seguir:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & X_7 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{1_1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_{1_2} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_{1_7} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{2_1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_{2_2} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_{2_7} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_7 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1, y_2, \dots, y_7 são os vetores de observações da PL305, e os índices 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, correspondem às regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente;

X_1, X_2, \dots, X_7 são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, contidas nos vetores $\beta_1, \beta_2, \beta_3, \beta_4, \beta_5, \beta_6$ e β_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

$Z_{1_1}, Z_{1_2}, \dots, Z_{1_7}$ são as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos, contidas nos vetores a_1, a_2, a_3, a_5, a_6 e a_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

$Z_{2_1}, Z_{2_2}, \dots, Z_{2_7}$ são as matrizes de incidência dos efeitos permanentes de ambiente, contidas nos vetores $p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6$ e p_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

e_1, e_2, \dots, e_7 são os vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores $y_1, y_2, y_3, y_4, y_5, y_6$ e y_7 .

Admitiu-se que y, u e e possuem distribuição conjunta normal multivariada, sendo que:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z\Sigma & \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \\ \sum Z' & \Sigma & 0 \\ \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 & 0 & \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$$V = Z \Sigma Z' + \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \quad \text{e} \quad \Sigma = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 \\ 0 & \bigoplus_{i=1}^7 I_{m_i} \sigma_{p_i}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

A a matriz de parentesco entre os animais;

I_{m_i} uma matriz identidade, de ordem m , sendo m igual ao número de vacas na região i ;

I_{q_i} uma matriz identidade, de ordem q , sendo q igual ao número de lactações região i ;

G a matriz de (co)variância genética aditiva das sete regiões, dada por:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_7} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2 a_7} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_7 a_1} & \sigma_{a_7 a_2} & \cdots & \sigma_{a_7}^2 \end{bmatrix};$$

$\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ são as variância genética aditiva, permanente de ambiente e residual, respectivamente, das i regiões, sendo $i = 1, 2, 3, 4, 5, 6$ e 7 ;

$\sigma_{a_i a_j}$ é a covariância genética entre as regiões i e j , sendo i e $j = 1, 2, 3, 4, 5, 6$ e 7 , respectivamente.

Foi assumida uma distribuição inicial uniforme para os efeitos fixos. Para os componentes de (co)variância genética direta foi considerado que G tem uma distribuição de Wishart Invertida (IW) na forma: $G \sim IW(G_o, \nu_g)$, em que:

$$f(G | G_o, \nu_g) \propto |G|^{-\frac{1}{2}(\nu_g + m_g + 1)} \cdot e^{-\frac{1}{2}tr(G_o^{-1}G^{-1})}$$

sendo que:

ν_g é o número de graus de liberdade da distribuição, que equivale ao grau de crença que se tem acerca do parâmetro;

m_g é a ordem da matriz G ;

G_0 é a matriz parâmetro escala da distribuição de G , dada por:

$$G_0 = \frac{G^*}{v_g^*} = \frac{G^*}{(v_g - m_g - 1)}$$

em que G^* é a matriz de *priors* dos componentes de variância contidos em G .

Para os componentes de variância permanente de ambiente e residual foi considerado que $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ tem distribuição Gama Invertida (ΓI), na forma:

$\sigma_{p_i}^2 \sim \Gamma I(p_{0_i}, v_{p_i})$ e $\sigma_{e_i}^2 \sim \Gamma I(s_{0_i}, v_{e_i})$, em que:

$$f(\sigma_{p_i}^2 | p_{0_i}, v_{p_i}) \propto (\sigma_{p_i}^2)^{-\frac{1}{2}(v_{p_i}+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(p_{0_i}\sigma_{p_i}^{-2})}$$

$$f(\sigma_{e_i}^2 | s_{0_i}, v_{e_i}) \propto (\sigma_{e_i}^2)^{-\frac{1}{2}(v_{e_i}+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(s_{0_i}\sigma_{e_i}^{-2})}$$

sendo que:

v_{p_i} e v_{e_i} são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de crença que se tem acerca dos parâmetros $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente;

p_{0_i} e s_{0_i} são os parâmetros escala das distribuições de $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente, dados por:

$$p_{0_i} = \frac{\sigma_{p_i}^{2*}}{v_{p_i}^*} = \frac{\sigma_{p_i}^{2*}}{(v_{p_i} - 2)}$$

$$s_{0_i} = \frac{\sigma_{e_i}^{2*}}{v_{e_i}^*} = \frac{\sigma_{e_i}^{2*}}{(v_{e_i} - 2)}$$

em que $\sigma_{p_i}^{2*}$ e $\sigma_{e_i}^{2*}$ são os *priors* dos componentes $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente.

A função de densidade de probabilidade conjunta posterior para todos os parâmetros desconhecidos, na análise multicausal, é dada pela expressão:

$$\begin{aligned}
 & f(\beta, u, G, P, R \mid y, v_g, G_0, v_{p_1}, p_{0_1}, \dots, v_{p_7}, p_{0_7}, v_{e_1}, s_{0_1}, \dots, v_{e_7}, s_{0_7}) \\
 & \propto |R|^{-1/2} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)' R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right\} \\
 & \quad \cdot |G|^{-\frac{1}{2}(n+v_g+m_g+1)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[a'(G^{-1} \otimes A^{-1})a + \text{tr}(v_g^* G_0 G^{-1})]\right\} \\
 & \quad \cdot \prod_{i=1}^7 \left[(\sigma_{p_i}^2)^{-1/2(m_i+v_{p_i}+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[p'(I_{m_i} \sigma_{p_i}^{-2})p + (v_{p_i}^* p_{0_i} \sigma_{p_i}^{-2})]\right\} \right] \\
 & \quad \cdot \prod_{i=1}^7 \left[(\sigma_{e_i}^2)^{-1/2(q_i+v_{e_i}+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{v_{e_i}^*}{2} s_{0_i} \sigma_{e_i}^{-2}\right\} \right].
 \end{aligned}$$

em que, n é o número de animais, m_i o número de vacas na região i e q_i o número de lactações na região i .

Inicialmente, foram geradas cadeias de 130.000 iterações, com um descarte inicial de 30.000 iterações e um intervalo de amostragem de 100 iterações. Foram acrescentadas cadeias de 100.000 até atingir um total de 830.000 iterações, obtendo 8.000 amostras de cada parâmetro estimado.

A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análise gráfica e por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004).

Foram construídos os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade para todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados, em nível de 90%.

A existência de heterogeneidade de variância genética, ambiental e residual, entre as regiões, foi verificada pela diferença das estimativas dos componentes de variância entre uma região e outra.

Resultados e Discussão

As médias e os erros-padrão para a produção de leite, em kg, estimadas para os 305 dias de lactação (PL305), nas regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste foram de $8413,96 \pm 8,90$, $8480,56 \pm 12,19$, $7635,77 \pm 14,94$, $7850,29 \pm 11,85$, $8617,44 \pm 28,34$, $7401,46 \pm 23,24$ e $7336,44 \pm 54,94$, respectivamente.

Houve indicação de convergência para todas as cadeias por meio de análise gráfica e da utilização dos testes de diagnóstico.

Nas Tabelas 2, 3 e 4, estão apresentadas as estimativas e o coeficiente de variação dos componentes de variância genética, permanente de ambiente e residual para PL305, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, nas sete regiões do Estado do Paraná.

As estimativas de todos os componentes estimados foram obtidas com grande precisão, pois apresentaram um baixo coeficiente de variação.

Pode-se observar que os valores dos intervalos de credibilidade e região de alta densidade de todos os componentes de variância estimados (Tabelas 2, 3 e 4) estão muito próximos um do outro indicando que existe simetria nas distribuições posteriores de todos os parâmetros estimados.

As maiores estimativas para os componentes de variância genética e permanente de ambiente foram obtidas na região oeste do Paraná e a maior estimativa para a variância residual foi encontrada na região de Carambeí. Estas estimativas são superiores às encontradas por Falcão (2003) e inferiores às encontradas por Torres et al. (2000).

Tabela 2 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância genética aditiva para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 2 – Estimates and respective variation coefficients of genetic variance components for milk yield, in kg, and their credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Média <i>Average</i>	Coeficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
Castro	540636	0,0014	496395 – 585365	496824 – 585506
Carambeí	476609	0,0014	426081 – 529529	425147 – 527760
Witmarsum	396962	0,0016	345162 – 449701	343204 – 447049
Arapoti	514156	0,0014	460340 – 569001	462141 – 570375
sul	593678	0,0013	500477 – 690729	497123 – 685944
norte	540936	0,0014	457243 – 627596	458507 – 628517
oeste	788018	0,0011	646549 – 937363	642208 – 931407

Tabela 3 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância permanente de ambiente para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 3 – Estimates and respective variation coefficients of permanent environment variance components for milk yield, in kg, and their credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Média <i>Average</i>	Coeficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
Castro	358115	0,0017	325349 – 391056	326492 – 392063
Carambeí	406105	0,0016	364386 – 448632	364161 – 448269
Witmarsum	252256	0,0019	213994 – 292592	210472 – 288770
Arapoti	371878	0,0016	331519 – 412788	329007 – 409709
sul	382302	0,0016	309533 – 457145	307868 – 454915
norte	377309	0,0016	310467 – 444360	307953 – 441110
oeste	497817	0,0014	389867 – 618605	385940 – 613476

Tabela 4 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância residual para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 4 – Estimates and respective variation coefficients of residual variance components for milk yield, kg, and their credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Média <i>Average</i>	Coeficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
Castro	1127537	0,0009	1111452 – 1144013	1110619 – 1143090
Carambeí	1154214	0,0009	1132629 – 1175977	1133021 – 1176255
Witmarsum	782710	0,0011	761176 – 804787	761903 – 805453
Arapoti	932703	0,0010	914059 – 951163	914598 – 951574
sul	1066257	0,0009	1022310 – 1111387	1021176 – 1109933
norte	946253	0,0010	908030 – 986653	906662 – 984773
oeste	719761	0,0011	666643 – 776769	666549 – 776484

Na Tabela 5, encontram-se as médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância genética e residual nas regiões e a probabilidade dessas diferenças serem maior ou menor que zero.

Pode-se observar que existe homocedasticidade de variâncias genética ao se comparar a região 1 com as regiões 4, 5 e 6; a região 2 com as regiões 4 e 6; a região 4, com as regiões 5 e 6 e a região 5 com a região 6. Entretanto, ocorre a existência de heterogeneidade de variâncias genética ao se comparar a região 2 com a região 5 e a região 3 e 7 com todas as outras regiões (Tabela 5).

Na Tabela 6, encontram-se as médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância permanente de ambiente nas regiões e a probabilidade dessas diferenças serem maiores ou menores que zero.

Tabela 5 - Médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância genética (acima da diagonal) e residual (abaixo da diagonal) nas regiões e a probabilidade dessa diferença ser maior ou menor que zero (entre parênteses).

Table 5 – Difference means between posterior means of genetic (above diagonal) and residual (below diagonal) variance components in the regions and the probability of being higher or lower than zero (in parentheses).

Regiões ¹ Regions ¹	1	2	3	4	5	6	7
1		64027* (93,85)	143674* (99,96)	26480 (72,95)	-53041 (80,23)	-299 (50,19)	-247381* (99,88)
2	-26676* (94,56)		79646* (96,26)	-37546 (80,55)	-117069* (96,81)	-64327 (85,92)	-311409* (100)
3	344827* (100)	371504* (100)		-117194* (99,47)	-196716* (99,93)	-143974* (99,19)	-391056* (100)
4	194834* (100)	221510* (100)	-149993* (100)		-79522 (88,64)	-26780 (66,99)	-273862* (99,94)
5	61280* (97,97)	87957* (99,85)	-283547* (100)	-133553* (100)		52741 (75,25)	-194340* (96,69)
6	181284* (100)	207961* (100)	-163543* (100)	-13549 (69,74)	120003* (99,94)		-247082* (99,40)
7	407776* (100)	434453* (100)	62949* (95,33)	212942* (100)	346495* (100)	226492* (100)	

¹Regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, correspondem às regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente.

¹Regions 1, 2, 3, 4 5, 6 and 7 corresponds to the regions of Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west, respectively.

*Médias diferentes.

* Different means.

Com relação às variâncias permanente de ambiente (Tabela 6) pode-se observar que os resultados foram semelhantes aos encontrados com as variâncias genéticas para a maioria das regiões, exceto ao se comparar a região 2 com a região 5, que apresentaram homogeneidade de variâncias permanente de ambiente.

Tabela 6 - Médias das diferenças entre as médias posteriores dos componentes de variância permanente de ambiente nas regiões e a probabilidade dessa diferença ser maior ou menor que zero (entre parênteses).

Table 6 – Difference means between posterior means of permanent environment components in the regions and the probability of being higher or lower than zero (in parentheses).

Regiões ¹ Regions ¹	2	3	4	5	6	7
1	-47990* (92,94)	105859* (99,98)	-13762 (66,63)	-24186 (68,46)	-19193 (66,96)	-139701* (98,00)
2		153849* (100)	34227 (82,99)	23804 (67,80)	28797 (72,18)	-91711* (90,00)
3			-119622* (100)	-130046* (99,60)	-125053* (99,45)	-245561* (99,98)
4				-10423,9 (57,43)	-5431,16 (54,90)	-125939* (96,62)
5					4992,693 (54,18)	-115515* (92,80)
6						-120508* (93,79)

¹Regiões 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7, correspondem às regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente.

¹Regions 1, 2, 3, 4, 5, 6 and 7, they are corresponding regions of the Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west, respectively.

*Médias diferentes.

* Differences means.

A não consideração da heterogeneidade de variâncias genética e permanente de ambiente pode causar um viés nas avaliações genéticas e conseqüentemente uma seleção incorreta dos animais. Esses resultados indicam que as regiões 4, 5 e 6 deveriam ser agrupadas com relação às suas variâncias genéticas, e as regiões 2, 4, 5 e 6 deveriam ser agrupadas com relação às suas variâncias permanente de ambiente.

Com relação à variância residual não houve diferença entre as regiões 4 e 6 (Tabela 5), porém as variâncias residuais foram heterogêneas para as outras regiões e essa heterogeneidade pode ser explicada pelas diferenças de manejo adotadas em cada

região, diferentes fatores climáticos de cada região e diferentes níveis de produção entre uma região e outra.

Outros autores também encontraram variâncias residuais heterogêneas, em diferentes regiões (Stanton et al., 1991; Costa et al., 2000; Dodenhoff & Swalve, 1998; Robert-Granié, et al., 1999; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003). Neste caso, se a heterogeneidade for desconsiderada, animais criados em ambientes com maior variância residual teriam seus dados supervalorizados no processo de avaliação, acontecendo o inverso do que aconteceria com a desconsideração da heterogeneidade de variância genética.

Observou-se que apenas as regiões de Arapoti e norte apresentaram simultaneamente variâncias genéticas, ambientais e residuais homogêneas, devendo ser agrupadas como um único nível de heterogeneidade.

Conclusões

Foi verificada a existência de heterogeneidade de variância genética, permanente de ambiente e residual para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná, devendo as regiões de Arapoti e norte serem agrupadas em um único nível de heterogeneidade, por apresentarem homocedasticidade simultaneamente para os efeitos genéticos aditivos, permanente de ambiente e residual.

Literatura Citada

ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; RENNÓ, F.P.; PEREIRA, J.C.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO, S.I.; PIRES, A.V. RODRIGUES, C.A.F. Heterogeneidade de variância na avaliação genética de reprodutores da raça Pardo-Suíça no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p.1343-1349, 2002.

- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variance by herd production level in dairy cow and sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.2, p.503-512, 1990.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.
- DONG, M.C.; MAO, I.L. Heterogeneity of (co)variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. **Journal of Dairy Science**, v.73, n.3, p.843-851, 1990.
- DODENHOFF, J.; SWALVE, H.H. Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. **Livestock Production Science**. v.53, p.225-236, 1998.
- DURÃES, M.C.; FREITAS, A.F.; TEIXEIRA, N.M.; VALENTE, J.; MARTINEZ, M.L. Fatores de ajustamento para a produção de leite e gordura na raça Holandesa para rebanhos do Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6, p.1231-1238, 1999.
- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça Holandesa, via métodos REML e Bayesiano**, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- IBÁÑEZ, M.A.; CARABANO, M.J.; ALENDA, R. Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish holstein-friesian population and impact of genetic evaluation. **Livestock Production Science**. v.59, p.33-49, 1999.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PB. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- R Development Core Team (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Application of a structural model for genetic covariances in international dairy sire evaluations. **Journal of Dairy Science**, v. 84, p.1525-1530, 2001.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- ROBERT-GRANIÉ, C.; BONAÏTI, B.; BOICHARD, D.; BARBAT, A. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. **Livestock Production Science**. v.60, p.343-357, 1999.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT[®]. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.

- SEAB-DERAL. **Caracterização da bovinocultura de leite no estado do Paraná.** Curitiba: Governo do estado do Paraná, Secretaria do Estado da Agricultura e do Abastecimento (SEAB), Departamento de Economia Rural (DERAL), Divisão de Conjuntura Agropecuária (DCA), 2000.
- STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. **Journal of Dairy Science**, v.74, p.1700-1714, 1991.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A. Ajustamento para heterogeneidade de variância para a produção de leite entre rebanhos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.2, p.295-303, 1999.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO, C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059, 2000.
- VAN TASSEL, 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: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.
- WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. **Journal of Dairy Science**, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.

Interação Genótipo x Ambiente para Produção de Leite de Bovinos da Raça Holandesa no Estado do Paraná

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi verificar a existência da interação genótipo x ambiente para produção de leite e seu impacto na classificação de reprodutores da raça Holandesa entre regiões no Estado do Paraná. Foram analisados 117.082 registros de lactações encerradas para a produção de leite, estimada para os 305 dias de lactação (PL305), de 49.676 vacas, filhas de 1.270 touros, provenientes de 308 rebanhos distribuídos em sete regiões do Estado do Paraná. Os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003. Os dados foram analisados por meio de inferência Bayesiana, sendo que a PL305, em cada uma das regiões do Estado do Paraná, foi tratada como uma característica diferente. O modelo animal utilizado incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, número de ordenhas e linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. As médias e os erros-padrão para PL305, em kg, nas regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste foram de $8413,96 \pm 8,90$, $8480,56 \pm 12,19$, $7635,77 \pm 14,94$, $7850,29 \pm 11,85$, $8617,44 \pm 28,34$, $7401,46 \pm 23,24$ e $7336,44 \pm 54,94$, respectivamente. A estimativa de herdabilidade mais alta (0,39) foi obtida para a região oeste do Paraná e a mais baixa (0,23) para a região de Carambeí. As correlações genéticas entre todas as regiões foram baixas (0,09 a 0,57), sendo uma evidência da existência de interação genótipo x ambiente. Após seleção de 5% dos melhores touros de cada região, observou-se que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, herdabilidade, inferência Bayesiana

Interaction Genotype x Environment for Milk Yield of Holstein Cows in the Paraná State

ABSTRACT: The objective of this work was to verify the occurrence of genotype x environment interaction for milk yield and its impact on Holstein sire ranking among different regions in Paraná State. There were analyzed 117,082 complete records of lactations, estimated for 305 days in milking (MY305), of 49,676 Holstein cows, daughters of 1,270 bulls from 308 herds located in seven different regions. All animals were officially controlled by the Serviço de Controle Leiteiro Mensal of the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, from January, 1992, to December, 2003. Data were analyzed beyond Bayesian inference and MY305 was considered a different characteristic in each one of the seven regions of Paraná State. The animal model included fixed effects of contemporary group, number of milking and linear and quadratic effects the covariable calving age, in months. Random effects considered were both the additive genetic and the permanent environment ones. The means and standard errors for MY305, in kg, for the regions of Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west were 8413.96 ± 8.90 , 8480.56 ± 12.19 , 7635.77 ± 14.94 , 7850.29 ± 11.85 , 8617.44 ± 28.34 , 7401.46 ± 23.24 and 7336.44 ± 54.94 , respectively. The highest heritability estimate was obtained in West region (0.39), while Carambeí presented the lowest value (0.23). The genetic correlations among all regions were low (0.09 to 0.57), being an evidence of genotype x environment interaction. After selecting 5% best bulls of each region, it was observed that best bulls for one region needn't be the best in another one.

Key Words: Bayesian inference, genetic correlation, genetic evaluation, heritability

Introdução

A maioria dos programas de avaliações genéticas de bovinos leiteiros tem ignorado o fato de que genótipos superiores, em determinados ambientes, podem não se expressar da mesma forma em outros. Entretanto, a interação genótipo x ambiente existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual eles são comparados.

A interação genótipo x ambiente pode provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais, que resulta em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

Segundo Falconer (1987), uma determinada característica, em ambientes diferentes, pode ser interpretada como sendo características diferentes, porque os genes que a controlam em determinado ambiente podem ser diferentes, pelo menos parcialmente, daqueles que a controlam em outro ambiente.

A existência da interação genótipo x ambiente para a produção de leite em bovinos da raça Holandesa tem sido observada em alguns estudos, verificando que há a existência desta interação entre diferentes países (Stanton et al., 1991; Costa et al., 2000; Zwald et al., 2003; Cerón-Muñoz et al., 2004), estados (Falcão, 2003) e regiões (Rekaya et al., 2003). Estes autores verificaram que a existência de interação genótipo x ambiente se deve às grandes diversidades entre fatores climáticos, sistemas de alimentação e manejo entre as diferentes regiões.

Tendo em vista que muitos genótipos considerados superiores em uma região podem não ser o mesmo em outras, visto que o genótipo e o ambiente podem interagir, influenciando o fenótipo do animal; a existência de interação genótipo x ambiente deveria ser considerada na avaliação genética dos animais. A não consideração da

interação genótipo x ambiente implica na alteração da classificação dos animais e na escolha de touros inadequados em determinadas regiões, reduzindo o progresso genético dos rebanhos.

O objetivo deste trabalho foi verificar a existência da interação genótipo x ambiente entre regiões e seu impacto na classificação de reprodutores da raça Holandesa no Estado do Paraná, por meio de inferência Bayesiana.

Material e Métodos

Foram disponibilizados 195.886 registros de lactações encerradas de vacas da raça Holandesa pelo Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná (PARLPR), desenvolvido em convênio com a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), localizada em Curitiba, Paraná. Todos os animais foram controlados oficialmente pelo Serviço de Controle Leiteiro Mensal da APCBRH, entre janeiro de 1992 a dezembro de 2003.

Para garantir a consistência das informações, o conjunto de dados original foi editado, com o uso do programa computacional SAS[®] (*Statistical Analysis System*) (2000), sendo impostas restrições que resultaram na eliminação de observações inconsistentes. Também foram eliminadas informações de vacas, cujos pais tinham menos de 8 filhas ou procediam de rebanhos que possuíam menos de 10 lactações.

Foram definidas duas estações de parto, sendo uma do mês de abril a setembro e outra do mês de outubro a março, e criados grupos de contemporâneos formados por lactações pertencentes ao mesmo rebanho, com o mesmo ano e estação de parição. Foram mantidas apenas informações pertencentes à grupos de contemporâneos que apresentaram 10 observações ou mais.

Após a aplicação de todas as restrições, o conjunto de dados final permaneceu com 117.082 registros de lactações para a produção de leite estimada para os 305 dias de lactação (PL305), de rebanhos distribuídos em sete regiões do Estado do Paraná: Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste.

Os números de lactações, de vacas, de touros, de rebanhos e de grupos de contemporâneos, para a PL305, nas sete regiões do Estado do Paraná, encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 – Número de lactações, de vacas, de touros, de rebanhos e de grupos de contemporâneos (GC) da produção de leite estimada para 305 dias de lactação, por região.

Table 1 – Number of records, cows, sires, herds and contemporary groups (CG) for milk yield, estimated for 305 days of lactation, in each region.

Região ¹ Region	Lactações Records		Vacas Cows		Touros Sires		Rebanhos Herds		GC CG	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
1	42.128	36,0	17.032	34,3	337	26,5	58	18,8	969	26,5
2	27.289	23,3	12.108	24,4	243	19,1	97	31,5	1.095	30,0
3	11.385	9,7	4.533	9,1	209	16,5	35	11,4	414	11,3
4	22.953	19,6	9.286	18,7	149	11,7	37	12,0	616	16,9
5	5.227	4,5	2.424	4,8	128	10,1	22	7,1	183	5,0
6	6.091	5,2	3.168	6,4	101	8,0	41	13,3	256	7,0
7	2.009	1,7	1.125	2,3	103	8,1	18	5,9	122	3,3
	117.082	100	49.676	100	1.270	100	308	100	3.655	100

¹Região 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 = Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente.

¹Region 1, 2, 3, 4, 5, 6 and 7 = Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west, respectively.

A região norte apresenta clima mesotérmico, sem estação seca, verões quentes e baixa incidência de geadas. A região sul apresenta clima mesotérmico, úmido e super úmido, sem estação seca, com inverno rigoroso, geadas severas e frequentes, verões chuvosos e amenos. A região oeste apresenta clima mesotérmico, sem estação seca, inverno rigoroso com média incidência de chuvas e ocorrência de geadas, verões chuvosos e temperatura elevada (SEAB-DERAL, 2000).

Carambeí, Castro, Witmarsum e Arapoti são municípios, pertencentes à micro-região de Ponta-Grossa, e se localizam na região sul do Paraná. Porém, a divisão do Estado em sete regiões foi feita seguindo a divisão da APCBRH, que agrupa os rebanhos em função das médias das cooperativas associadas a cada rebanho.

A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, para todas as características analisadas, foi realizada utilizando abordagem Bayesiana, por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995).

Os dados foram analisados supondo-se a existência de heterogeneidade de variância, sendo a PL305, em cada uma das sete regiões do Estado do Paraná, tratada como uma característica diferente.

O modelo animal utilizado incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos, número de ordenhas e efeito linear e quadrático da covariável idade da vaca ao parto, em meses. Os efeitos aleatórios considerados foram os genéticos aditivos e de ambiente permanente. Foi utilizado o modelo animal descrito a seguir:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & X_7 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{1_1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_{1_2} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_{1_7} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{2_1} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & Z_{2_2} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & Z_{2_7} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ \vdots \\ p_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_7 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1, y_2, \dots, y_7 são os vetores de observações da PL305, e os índices 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, correspondem às regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente;

X_1, X_2, \dots, X_7 são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, contidas nos vetores $\beta_1, \beta_2, \beta_3, \beta_4, \beta_5, \beta_6$ e β_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

$Z_{1_1}, Z_{1_2}, \dots, Z_{1_7}$ são as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos, contidas nos vetores a_1, a_2, a_3, a_5, a_6 e a_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

$Z_{2_1}, Z_{2_2}, \dots, Z_{2_7}$ são as matrizes de incidência dos efeitos permanentes de ambiente, contidas nos vetores $p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6$ e p_7 , correspondentes às regiões 1, 2, 3, 4 5, 6 e 7, respectivamente;

e_1, e_2, \dots, e_7 são os vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores $y_1, y_2, y_3, y_4, y_5, y_6$ e y_7 .

Admitiu-se que y, u e e possuem distribuição conjunta normal multivariada, sendo que:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z\Sigma & \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \\ \Sigma Z' & \Sigma & 0 \\ \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 & 0 & \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$$V = Z \Sigma Z' + \bigoplus_{i=1}^7 I_{q_i} \sigma_{e_i}^2 \quad \text{e} \quad \Sigma = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 \\ 0 & \bigoplus_{i=1}^7 I_{m_i} \sigma_{p_i}^2 \end{bmatrix}$$

sendo:

A a matriz de parentesco entre os animais;

I_{m_i} uma matriz identidade, de ordem m , sendo m igual ao número de vacas na região i ;

I_{q_i} uma matriz identidade, de ordem q , sendo q igual ao número de lactações região i ;

G a matriz de (co)variância genética aditiva das sete regiões, dada por:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_7} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2 a_7} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_7 a_1} & \sigma_{a_7 a_2} & \cdots & \sigma_{a_7}^2 \end{bmatrix}$$

$\sigma_{a_i}^2$, $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ são as variâncias genética aditiva, permanente de ambiente e residual, respectivamente, das i regiões, sendo $i = 1, 2, 3, 4, 5, 6$ e 7 ;

$\sigma_{a_i a_j}$ é a covariância genética entre as regiões i e j , sendo i e $j = 1, 2, 3, 4, 5, 6$ e 7 , respectivamente.

Foi assumida uma distribuição inicial uniforme para os efeitos fixos. Para os componentes de (co)variância genética direta foi considerado que G tem uma distribuição de Wishart Invertida (IW) na forma: $G \sim IW(G_0, \nu_g)$, em que:

$$f(G | G_0, \nu_g) \propto |G|^{-\frac{1}{2}(\nu_g + m_g + 1)} \cdot e^{-\frac{1}{2}tr(G_0^{-1}G^{-1})}$$

sendo que:

ν_g é o número de graus de liberdade da distribuição, que equivale ao grau de crença que se tem acerca do parâmetro;

m_g é a ordem da matriz G ;

G_0 é a matriz parâmetro escala da distribuição de G , dada por:

$$G_0 = \frac{G^*}{\nu_g^*} = \frac{G^*}{(\nu_g - m_g - 1)}$$

em que G^* é a matriz de *priors* dos componentes de variância contidos em G .

Para os componentes de variância permanente de ambiente e residual foi considerado que $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ tem distribuição de Gama Invertida (ΓI), na forma:

$\sigma_{p_i}^2 \sim \Gamma I(p_{0_i}, \nu_{p_i})$ e $\sigma_{e_i}^2 \sim \Gamma I(s_{0_i}, \nu_{e_i})$, em que:

$$f(\sigma_{p_i}^2 | p_{0_i}, \nu_{p_i}) \propto (\sigma_{p_i}^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_{p_i}+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(p_{0_i}\sigma_{p_i}^{-2})}$$

$$f(\sigma_{e_i}^2 | s_{0_i}, \nu_{e_i}) \propto (\sigma_{e_i}^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_{e_i}+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(s_{0_i}\sigma_{e_i}^{-2})}$$

sendo que:

ν_{p_i} e ν_{e_i} são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de crença que se tem acerca dos parâmetros $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente;

p_{0_i} e s_{0_i} são os parâmetros escala das distribuições de $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente, dados por:

$$p_{0_i} = \frac{\sigma_{p_i}^{2*}}{\nu_{p_i}^*} = \frac{\sigma_{p_i}^{2*}}{(\nu_{p_i} - 2)}$$

$$s_{0_i} = \frac{\sigma_{e_i}^{2*}}{\nu_{e_i}^*} = \frac{\sigma_{e_i}^{2*}}{(\nu_{e_i} - 2)}$$

em que $\sigma_{p_i}^{2*}$ e $\sigma_{e_i}^{2*}$ são os *priors* dos componentes $\sigma_{p_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$, respectivamente.

A função de densidade de probabilidade conjunta posterior para todos os parâmetros desconhecidos, na análise multicaracter, é dada pela seguinte expressão:

$$\begin{aligned}
& f(\beta, u, G, P, R \mid y, v_g, G_0, v_{p_1}, p_{0_1}, \dots, v_{p_7}, p_{0_7}, v_{e_1}, s_{0_1}, \dots, v_{e_7}, s_{0_7}) \\
& \propto |R|^{-1/2} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)' R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right\} \\
& \cdot |G|^{-\frac{1}{2}(n+v_g+m_g+1)} \cdot \exp\left\{-\frac{I}{2}[a'(G^{-1} \otimes A^{-1})a + tr(v_g^* G_0 G^{-1})]\right\} \\
& \cdot \prod_{i=1}^7 \left[(\sigma_{p_i}^2)^{-1/2(m_i+v_{p_i}+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{1}{2}[p'(I_{m_i} \sigma_{p_i}^{-2})p + (v_{p_i}^* p_{0_i} \sigma_{p_i}^{-2})]\right\} \right] \\
& \cdot \prod_{i=1}^7 \left[(\sigma_{e_i}^2)^{-1/2(q_i+v_{e_i}+2)} \cdot \exp\left\{-\frac{v_{e_i}^*}{2} s_{0_i} \sigma_{e_i}^{-2}\right\} \right].
\end{aligned}$$

em que, n é o número de animais, m_i o número de vacas na região i e q_i o número de lactações na região i .

Foram geradas cadeias de 830.000 iterações, com um descarte inicial de 30.000 iterações e um intervalo de amostragem de 100 iterações, sendo obtidas 8.000 amostras de cada parâmetro estimado.

A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análise gráfica e por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004).

Foram construídos os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade para todos os componente de (co)variância e parâmetros genéticos estimados, em nível de 90%.

Para avaliar a conexão genética entre as regiões, foi calculada a similaridade genética entre as regiões, definida como a razão entre o número de filhas de touros comuns usados nas duas regiões e o número total de filhas nas duas regiões, conforme definido por Rekaya et al. (2003).

A existência de interação genótipo x ambiente foi avaliada por meio das correlações genéticas entre as regiões.

Foi calculada a correlação de Spearman entre a classificação dos touros, com base nos valores genéticos preditos, com filhos em comum entre as regiões, para verificar possíveis alterações na classificação dos animais nas diferentes regiões.

Após seleção de 5% dos touros, foram utilizadas as classificações dos valores genéticos e verificado o número de indivíduos em comum entre as regiões.

Com o objetivo de verificar se houve alteração na classificação dos touros, foram selecionados os vinte melhores touros de cada região, e observada a classificação dos touros em comum em todas as regiões.

Resultados e Discussão

As médias e os erros-padrão para a produção de leite, em kg, estimadas para os 305 dias de lactação (PL305), nas regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste foram $8413,96 \pm 8,90$, $8480,56 \pm 12,19$, $7635,77 \pm 14,94$, $7850,29 \pm 11,85$, $8617,44 \pm 28,34$, $7401,46 \pm 23,24$ e $7336,44 \pm 54,94$, respectivamente.

Houve indicação de convergência para todas as cadeias por meio de análise gráfica e da utilização dos testes de diagnóstico.

As estimativas de todos os componentes estimados foram obtidas com grande precisão, pois apresentaram um baixo coeficiente de variação.

Pode-se observar que os valores dos intervalos de credibilidade e região de alta densidade para todos os componentes de variância estimados (Tabelas 2, 3 e 4) são muito semelhantes indicando que existe simetria nas distribuições posteriores de todos os parâmetros estimados. As diferenças entre os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade para as covariâncias genéticas foram pequenas, portanto estas densidades também são simétricas.

Na Tabela 2, estão apresentadas as estimativas e o coeficiente de variação dos componentes de variância e (co)variância genética para PL305 nas sete regiões do Estado do Paraná.

As maiores estimativas para os componentes de variância genética foram obtidas na região oeste do Paraná. As médias posteriores das covariâncias genéticas foram todas positivas e os coeficientes de variação foram maiores do que os obtidos para as médias posteriores dos componentes de variância. O maior valor para a (co)variância genética foi observado entre as regiões de Castro e Arapoti e o menor valor foi observado entre as regiões de Witmarsum e oeste.

As estimativas e o coeficiente de variação dos componentes de variância de ambiente permanente e residual para PL305, nas sete regiões do Estado do Paraná estão apresentados nas Tabelas 3 e 4, respectivamente.

As maiores estimativas para os componentes de variância de ambiente permanente foram obtidas na região oeste do Paraná e a maior estimativa para a variância residual foi encontrada na região de Carambeí.

Na Tabela 5, encontram-se as estimativas de herdabilidade para PL305 nas sete regiões do Estado do Paraná e as estimativas de correlações genéticas para PL305 entre as sete regiões do Estado. A estimativa de herdabilidade mais alta (0,39) foi obtida para a região oeste do Paraná, em consequência da maior variabilidade genética para PL305 encontrada nessa região, e a estimativa mais baixa (0,23) foi obtida na região de Carambeí.

Tabela 2 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância e covariância genética para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 2 – Estimates and respective variation coefficients of genetic variance and covariance components for milk yield, in kg, and credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Estimativas <i>Estimates</i>	Média <i>Average</i>	Coefficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
$\sigma_{a_1}^2$	540636	0,0014	496395 – 585365	496824 – 585506
$\sigma_{a_{1,2}}$	254353	0,0020	201630 – 306703	202898 – 307861
$\sigma_{a_{1,3}}$	188447	0,0023	133378 – 244296	130676 – 241330
$\sigma_{a_{1,4}}$	281006	0,0019	226810 – 335033	224650 – 332608
$\sigma_{a_{1,5}}$	140210	0,0027	65327 – 217132	65393 – 217134
$\sigma_{a_{1,6}}$	147791	0,0026	75933 – 216734	79915 – 220436
$\sigma_{a_{1,7}}$	78698	0,0036	-17539 – 177271	-19778 – 173937
$\sigma_{a_2}^2$	476609	0,0014	426081 – 529529	425147 – 527760
$\sigma_{a_{2,3}}$	163866	0,0025	108106 – 219695	108162 – 219708
$\sigma_{a_{2,4}}$	280177	0,0019	226643 – 333533	225570 – 331554
$\sigma_{a_{2,5}}$	119193	0,0029	41182 – 197188	39779 – 195164
$\sigma_{a_{2,6}}$	145116	0,0026	78362 – 211391	78319 – 211303
$\sigma_{a_{2,7}}$	66984	0,0039	-19486 – 153517	-20568 – 151846
$\sigma_{a_3}^2$	396962	0,0016	345162 – 449701	343204 – 447049
$\sigma_{a_{3,4}}$	158791	0,0025	101343 – 216068	100057 – 214230
$\sigma_{a_{3,5}}$	96085	0,0032	25920 – 164362	25902 – 164283
$\sigma_{a_{3,6}}$	94798	0,0032	27465 – 159284	27318 – 158914
$\sigma_{a_{3,7}}$	55424	0,0042	-28085 – 140382	-34241 – 133562
$\sigma_{a_4}^2$	514156	0,0014	460340 – 569001	462141 – 570375
$\sigma_{a_{4,5}}$	152920	0,0026	73242 – 230396	77187 – 233837
$\sigma_{a_{4,6}}$	168741	0,0024	97474 – 238205	101234 – 240783
$\sigma_{a_{4,7}}$	76041	0,0036	-12000 – 164315	-9912 – 165745
$\sigma_{a_5}^2$	593678	0,0013	500477 – 690729	497123 – 685944
$\sigma_{a_{5,6}}$	78329	0,0036	-8879 – 165635	-5634 – 168444
$\sigma_{a_{5,7}}$	68425	0,0038	-40433 – 171794	-33502 – 177914
$\sigma_{a_6}^2$	540936	0,0014	457243 – 627596	458507 – 628517
$\sigma_{a_{6,7}}$	65183	0,0039	-38741 – 164280	-40150 – 162102
$\sigma_{a_7}^2$	788018	0,0011	646549 – 937363	642208 – 931407

i e j = 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 para as regiões de Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente.; *i and j = 1, 2, 3, 4, 5, 6 and 7 for the regions of Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west, respectively.*

Tabela 3 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância de ambiente permanente para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 3 – Estimates and respective variation coefficients of permanent environment variance components for milk yield, in kg, and credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Média <i>Average</i>	Coefficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
Castro	358115	0,0017	325349 – 391056	326492 – 392063
Carambeí	406105	0,0016	364386 – 448632	364161 – 448269
Witmarsum	252256	0,0019	213994 – 292592	210472 – 288770
Arapoti	371878	0,0016	331519 – 412788	329007 – 409709
sul	382302	0,0016	309533 – 457145	307868 – 454915
norte	377309	0,0016	310467 – 444360	307953 – 441110
oeste	497817	0,0014	389867 – 618605	385940 – 613476

Tabela 4 – Estimativas e respectivos coeficientes de variação dos componentes de variância residual para a produção de leite, em kg, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, em nível de 90%, obtidas nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 4 – Estimates and respective variation coefficients of residual variance components for milk yield, in kg, and credibility intervals and high density region, up to 90% level, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Média <i>Average</i>	Coefficiente de variação <i>Variation coefficient</i>	Intervalo de credibilidade <i>Credibility interval</i>	Região de alta densidade <i>High density region</i>
Castro	1127537	0,0009	1111452 – 1144013	1110619 – 1143090
Carambeí	1154214	0,0009	1132629 – 1175977	1133021 – 1176255
Witmarsum	782710	0,0011	761176 – 804787	761903 – 805453
Arapoti	932703	0,0010	914059 – 951163	914598 – 951574
sul	1066257	0,0009	1022310 – 1111387	1021176 – 1109933
norte	946253	0,0010	908030 – 986653	906662 – 984773
oeste	719761	0,0011	666643 – 776769	666549 – 776484

Tabela 5 – Médias posteriores da herdabilidade (na diagonal) e correlação genética (acima da diagonal) para a produção de leite, nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 5 – Posterior means of heritability (diagonal) and genetic correlation (above diagonal) for milk yield, in seven regions of Paraná State.

Regiões <i>Regions</i>	Castro	Carambeí	Witmarsum	Arapoti	sul	norte	oeste
Castro	0,27	0,50	0,41	0,53	0,25	0,27	0,12
Carambeí		0,23	0,38	0,57	0,22	0,29	0,11
Witmarsum			0,28	0,35	0,20	0,21	0,09
Arapoti				0,28	0,28	0,32	0,12
sul					0,29	0,14	0,10
norte						0,29	0,10
oeste							0,39

Almeida et al. (1997) estimaram a herdabilidade para produção de leite em vacas da raça Holandesa na Região de Batavo, Paraná, e encontraram um valor igual a 0,28. Falcão (2003) encontrou um valor de herdabilidade igual a 0,28 para PL305 em rebanhos de vacas da raça Holandesa, no Estado do Paraná. Os resultados encontrados por estes autores são semelhantes aos encontrados neste trabalho para as regiões de Castro, Witmarsum, Arapoti, sul e norte, cujas estimativas variaram de 0,27 a 0,29 (Tabela 5).

As estimativas das correlações genéticas podem ser visualizadas na Tabela 5. As correlações genéticas entre todas as regiões foram baixas, sendo que o maior valor foi encontrado entre as regiões de Carambeí e Arapoti e o menor valor entre as regiões de Witmarsum e oeste. Os resultados desta análise sugerem que a produção de leite em cada região deve ser tratada como característica diferente (Falconer, 1987; Schaeffer, 1994; Martins, 2002; Falcão 2003).

As menores estimativas de correlações foram obtidas entre ambientes bem contrastantes com relação aos fatores ambientais, sistemas e manejo dos rebanhos, que

foram entre a região oeste e as outras seis regiões do Estado do Paraná e entre a região de Arapoti com a região norte.

Robertson (1959) cita que diferenças biológicas importantes podem ser consideradas quando a correlação genética entre ambientes for menor ou igual a 0,80. Os baixos valores de correlação genética entre as regiões encontrados neste trabalho são uma evidência da existência de interação genótipo x ambiente, indicando que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra e que pode haver alteração na classificação dos animais em função das regiões.

Os valores de similaridade genética entre as regiões encontram-se na Tabela 6. Estes valores variaram de 0,51 a 0,90, indicando que existe alta conexão genética entre as regiões. Estes valores são maiores do que os encontrados por Falcão (2003), cujos valores variaram de 0,22 a 0,68, e por Rekaya et al. (2003), cujos valores variaram de 0,35 a 0,46.

Observa-se semelhança entre as correlações genéticas e a similaridade genética, indicando a possibilidade de implementação de um modelo estrutural para estimação de componentes de (co)variância, como definido por Rekaya et al. (2003).

Tabela 6 – Similaridade genética (acima da diagonal) e número de touros em comum (abaixo da diagonal) entre as regiões.

Table 6 – Genetic similarity (above diagonal) and number of sires in common (below diagonal) among regions.

Regiões <i>Regions</i>	Castro	Carambeí	Witmarsum	Arapoti	sul	norte	oeste
Castro		0,90	0,75	0,87	0,66	0,75	0,58
Carambeí	614		0,76	0,86	0,64	0,78	0,61
Witmarsum	372	379		0,71	0,71	0,74	0,63
Arapoti	528	511	317		0,61	0,72	0,51
sul	293	289	225	258		0,72	0,59
norte	378	382	270	335	228		0,61
oeste	269	273	197	233	166	205	

O valor de correlação de Spearman (Tabela 7) mais baixo foi obtido entre as regiões de oeste e Arapoti (0,37) e os mais altos entre as regiões de Arapoti e Carambeí (0,84).

A correlação de Spearman mede a semelhança geral de classificação. Entretanto, não reflete obrigatoriamente as alterações de classificações do grupo de animais selecionados. Assim, após seleção de 5% dos melhores touros de cada região, observou-se que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra (Tabela 7). A região de Witmarsum, por exemplo, apresenta touros que se desempenham bem em cinco das regiões estudadas, mas nenhum deles apresenta bom desempenho na região sul do Paraná.

Tabela 7 – Correlação de Spearman para a produção de leite entre a classificação dos touros, com base nos valores genéticos preditos (acima da diagonal) nas regiões estudadas¹ e número de touros em comum (abaixo da diagonal), com seu respectivo percentual (entre parênteses), após seleção de 5%.

Table 7 – Milk yield Spearman's correlation among sire ranking based on predicted genetic values (above diagonal) in the approached regions¹ and the number of sires in common (below diagonal), with its respective percentage (in parentheses), after 5% selection.

Região	Castro	Carambeí	Witmarsum	Arapoti	sul	norte	oeste
Castro		0,77** (614)	0,72** (372)	0,77** (528)	0,59** (293)	0,61** (378)	0,43** (269)
Carambeí	14 (45)		0,73** (379)	0,84** (511)	0,60** (289)	0,64** (382)	0,40** (273)
Witmarsum	10 (53)	9 (47)		0,69** (317)	0,59** (225)	0,56** (270)	0,39** (197)
Arapoti	12 (46)	14 (54)	6 (38)		0,66** (258)	0,68** (335)	0,37** (233)
sul	3 (20)	1 (6)	0 (0)	3 (23)		0,49** (228)	0,49** (166)
norte	6 (32)	7 (37)	4 (29)	8 (47)	2 (18)		0,40** (205)
oeste	3 (21)	3 (21)	3 (30)	4 (33)	0 (0)	2 (20)	

¹Os números entre parênteses representam o número de touros em comum entre as regiões.

¹ *The numbers in parentheses represent the number of the sires in common among regions.*

** Correlação significativa (P<0,01).

** *Significant correlation (P<0.01).*

Na Tabela 8, encontram-se os vinte melhores touros selecionados em cada região. Pode-se observar que houve alteração na classificação dos animais em todas as regiões estudadas, comprovando a existência de interação genótipo x ambiente para a PL305 entre as regiões do Estado do Paraná devido à grande diversidade nos fatores ambientais, sistemas e manejo dos rebanhos. O touro número 1767, por exemplo, é um touro que apresenta bom desempenho em seis regiões do Estado do Paraná, exceto em Castro, e em nenhuma delas a sua classificação foi a mesma. O touro 2361 apresenta bom desempenho em cinco das regiões estudadas e o mesmo desempenho deste animal só ocorre nas regiões de Castro e Carambeí.

Tabela 8 – Classificação dos vinte melhores touros nas sete regiões do Estado do Paraná.

Table 8 – Rank of twenty best sires in seven regions of Paraná State.

Classificação <i>Rank</i>	Regiões <i>Regions</i>						
	1	2	3	4	5	6	7
1	1926	2594	3032	2813	1829	705	2882
2	2264	3185	767	2238	2361	2845	2610
3	2361	2361	1926	2924	1972	1545	1767
4	2845	2238	2534	1767	2344	2717	2027
5	2327	2856	1713	2361	2751	1767	2558
6	3150	2327	2538	2382	2018	2238	2166
7	386	2924	1896	1713	1472	2126	2703
8	2924	2538	3095	2594	2880	3032	1926
9	2467	2585	2845	3185	2563	2142	2684
10	2238	2027	2032	2880	2264	2027	2748
11	2784	1713	1845	2126	2001	2933	2600
12	2703	705	1243	705	1671	2382	2343
13	2715	2845	1401	2027	1705	2726	2248
14	2841	1896	1767	2751	2873	2813	2751
15	2594	2715	2142	2585	2142	908	1349
16	2798	3183	2027	2056	2934	1570	747
17	2552	1767	705	2715	1767	2361	3095
18	2148	2813	1579	1876	783	2798	2934
19	1712	1926	1191	2805	1621	2044	2311
20	2032	2808	907	1926	1967	1404	2238

¹Região 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 = Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, sul, norte e oeste, respectivamente.

¹Region 1, 2, 3, 4, 5, 6 and 7 = Castro, Carambeí, Witmarsum, Arapoti, south, north and west, respectively.

Conclusões

Foram encontradas evidências de interação genótipo x ambiente para a produção de leite de bovinos da raça Holandesa no Estado do Paraná, e os resultados obtidos demonstram que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra e que houve alteração na classificação dos animais entre as regiões.

A interação genótipo x ambiente deve ser levada em consideração na escolha de reprodutores.

Literatura Citada

- ALMEIDA, R.; RIBAS, N.P.; MONARDES, H.G. Estudo dos efeitos genéticos sobre as características produtivas de vacas da raça Holandesa na região da Batavo, Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora, MG. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, v.3, 1997, p.68-70.
- CERÓN-MUÑOZ, M.F.; TONHATI, H.; COSTA, C.N. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. **Journal of Dairy Science**, v.87, p.2687-2692, 2004.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2963-2974, 2000.
- FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano**, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, 2002, Recife-PB. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.

- R Development Core Team (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469, 1959.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT[®]. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.
- SEAB-DERAL. **Caracterização da bovinocultura de leite no estado do Paraná**. Curitiba: Governo do estado do Paraná, Secretaria do Estado da Agricultura e do Abastecimento (SEAB), Departamento de Economia Rural (DERAL), Divisão de Conjuntura Agropecuária (DCA), 2000.
- SCHAEFFER, L.R. Multiple-Country comparison of dairy sires. **Journal of Dairy Science**, v.77, p.2671-22678, 1994.
- STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. **Journal of Dairy Science**, v.74, p.1700-1714, 1991.
- VAN TASSEL, 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: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.
- ZWALD, N.R.; WEIGEL, K.A. FIKSE, W.F.; REKAYA, R. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.1009-1018, 2003.

CONCLUSÕES GERAIS

As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para as produções de leite, de gordura e de proteína, e para os percentuais de gordura e de proteína, foram obtidas com alta precisão utilizando a inferência Bayesiana, tanto nas análises unicaracter como nas tricaracter.

Foi verificada a existência de heterogeneidade de variância genética, permanente de ambiente e residual para a produção de leite entre as regiões do Estado do Paraná, devendo as regiões de Arapoti e norte serem agrupadas em um único nível de heterogeneidade, por apresentarem homocedasticidade simultaneamente para os efeitos genéticos aditivos, permanente de ambiente e residual.

Foram encontradas evidências de interação genótipo x ambiente para a produção de leite de bovinos da raça Holandesa no Estado do Paraná, e os resultados obtidos demonstraram que os melhores touros em uma região não são necessariamente os mesmos em outra e que houve alteração na classificação dos animais entre as regiões.