

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS AGRARIAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
MESTRADO EM ZOOTECNIA

RAPHAEL PATRICK MOREIRA

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS NA RAÇA HOLANDESA EM DIFERENTES
REGIÕES DO PARANÁ

PONTA GROSSA

2017

RAPHAEL PATRICK MOREIRA

**ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS NA RAÇA HOLANDESA EM DIFERENTES
REGIÕES DO PARANÁ**

Dissertação apresentada como requisito parcial à obtenção do título de mestre na Universidade Estadual de Ponta Grossa, Genética, Melhoramento e Reprodução Animal.

Orientador: Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

PONTA GROSSA

2017

Ficha Catalográfica
Elaborada pelo Setor de Tratamento da Informação BICEN/UEPG

Moreira, Raphael Patrick

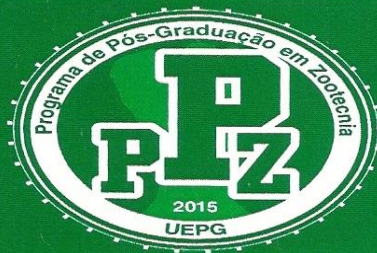
M835 Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características produtivas na raça Holandesa em diferentes regiões do Paraná/ Raphael Patrick Moreira. Ponta Grossa, 2017.
64f.

Dissertação (Mestrado em Zootecnia - Área de Concentração: Produção Animal), Universidade Estadual de Ponta Grossa.

Orientador: Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa.

1.Clima subtropical. 2.Correlação genética. 3.Eficiência de seleção. 4.Parâmetros genéticos. 5.Reclassificação de touros. I.Pedrosa, Victor Breno. II. Universidade Estadual de Ponta Grossa. Mestrado em Zootecnia. III. T.

CDD: 636.2



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

TERMO DE APROVAÇÃO

RAPHAEL PATRICK MOREIRA

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE SOBRE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS NA RAÇA HOLANDESA EM DIFERENTES REGIÕES DO PARANÁ

Dissertação aprovada como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre no Curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, Setor de Ciências Agrárias e Tecnologia da Universidade Estadual de Ponta Grossa, no dia 17 de julho de 2017, pela seguinte banca examinadora:

Prof. Dr. VICTOR BRENO PEDROSA (UEPG)
(Orientador)

Prof. Dr. LUIS FERNANDO BATISTA PINTO (UFBA)

Prof. Dr. RODRIGO DE ALMEIDA TEXEIRA (UFPR)

Ponta Grossa, 17 de julho de 2017.

DEDICATÓRIA

À Deus, que através de suas bênçãos sempre me mostrou o caminho correto e me deu forças para enfrentar todas as dificuldades.

Aos meus pais, Marcos Roberto Moreira e Rosana Bueno Moreira que são meu apoio ao longo de todas as dificuldades encontradas e meus maiores exemplos de vida.

Aos meus avós Ecleide Maria Bueno Moreira e Sebastião Moreira, os quais foram sempre como pais para mim. Sem eles, muito provavelmente não teria alçado voos tão longos em minha carreira profissional. A determinação, humildade e compaixão sempre serão minha principal fonte de inspiração.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa pela orientação (a qual tenho privilegio de receber, desde os tempos de graduação), pela grande amizade construída durante este período, pelo exemplo profissional ao qual me espelho todos os dias, pelas oportunidades proporcionadas, e pela confiança na elaboração deste trabalho.

À Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH), pelo fornecimento dos bancos de dados e por todo apoio, a qual viabilizou a elaboração deste trabalho.

À Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia (PPZ), pela oportunidade de realização deste trabalho.

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

Aos alunos da primeira turma da Pós-Graduação em Zootecnia da UEPG, em especial aos colegas Lidiane Pescke Pereira, Eli Rosa, Marcel Jobbins, Francieli Loddi Mesquita, Barbara Buss Baiak, Milena Correa e Izaltino Cordeiro, pelos momentos de descontração nos churrascos e nos intervalos das disciplinas, pelas trocas de conhecimentos e pelo companheirismo ao longo desta jornada.

Ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia (PPZ) da UEPG, em especial ao professor Furuya, coordenador do programa e aos professores Evandro Maia Ferreira, Raquel Abdallah da Rocha Oliveira, Cheila Roberta Lehnem, Adriel Ferreira da Fonseca pelo conhecimento e amizade.

Ao meu irmão Leonardo, pelo companheirismo, amizade e momentos de descontração durante esta etapa da minha vida.

À minha namorada Letícia, quem me ajudou a enfrentar os momentos de dificuldades e presenciou toda esta fase da minha vida. Agradeço por acompanhar as noites em que estive que me dedicar a este trabalho Obrigado por seu amor, amizade e companheirismo.

Aos meus colegas do Laboratório de estudos em Melhoramento Animal (LeMA) Michelli, Henrique, Gabi, Rafaela, Matheus, Leticia, Essamai, Kimberli, Edina, Aline, Ana Flavia, Isabella, Ivana, Amily e Alice pela amizade e troca de conhecimentos. Com certeza o nosso grupo cresceu muito nestes últimos anos com a presença de todos.

Aos funcionários da EMATER da regional de Ponta Grossa, em especial aos colegas, Alvaristo Ferreira, Jeanne Dalke, Marcelo Hupalo, Danilo Scharr, Natali Maidl, Celso

Ricardo e Raphael Branco. Obrigado por toda cumplicidade e ajuda durante esta etapa onde tive que conciliar o meu trabalho com a realização desta dissertação.

Aos meus amigos Maycon, Nico, Wallan, Herman, Samuel (Lagarto), Juliano (Djudes), Reinaldo, Gustaf (Tito), Cris, Rodrigo (Bonecão), Jhonatan (Carne), Orlando, Petter, Rafael, Thiago, Felipe, Débora, Ronaldo, Bruno, James e Camila. Obrigado pelos momentos de descontração, de churrascos na casa do “gago”, dos acampamentos, pescarias e pelas cervejadas. A amizade de vocês com certeza levarei por toda a minha vida.

A todos que de forma direta ou indireta contribuíram para a elaboração deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

Muito Obrigado!

“No que diz respeito ao empenho, ao compromisso, ao esforço, à dedicação,
não existe meio termo. Ou você faz uma coisa bem feita ou não faz.”
Ayrton Senna

RESUMO

MOREIRA, Raphael Patrick. **Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características produtivas na raça Holandesa em diferentes regiões do Paraná.** 2017. 64. Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Universidade Estadual de Ponta Grossa. Ponta Grossa, 2017.

A larga utilização da inseminação artificial favoreceu que diferentes genótipos fossem distribuídos em distintas regiões ao redor do mundo. A falta de adaptação a algumas condições ambientais pode causar um efeito denominado interação genótipo x ambiente, principalmente em características poligênicas, ocorrendo alterações nos parâmetros genéticos. Deste modo, objetivou-se avaliar a interação genótipo x ambiente através das correlações genéticas para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP). Foram utilizadas 57.967 vacas primíparas, com lactações entre os anos 1990 e 2015 e matriz de parentesco de 106.417 animais para estimar a correlação genética entre três regiões de climas distintos. O banco de dados utilizado pertence a Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa – APCBRH e foi dividido por região de acordo com a classificação climática em, R1) Clima mesotérmico úmido e super úmido; R2) Clima mesotérmico sem estação seca e R3) Clima mesotérmico com estação seca. Os efeitos inclusos no modelo foram efeitos fixos do grupo de contemporâneo (rebanho e ano de nascimento), como covariável a idade ao parto e o efeito genético aditivo como efeito aleatório. Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML, utilizando o programa VCE 6.0. Para obtenção dos valores genéticos utilizou-se o programa PEST2, e posteriormente, os touros foram classificados e submetidos às correlações de Pearson e Spearman, respectivamente. Foram verificados os animais coincidentes entre as regiões, considerando os touros 10% melhores classificados em cada região para realização da comparação estatística. A herdabilidade variou entre as regiões de 0,16 a 0,21 para PL, de 0,17 a 0,25 para PG e de 0,10 a 0,17 para PP. As correlações genéticas, correlações de Pearson, correlações de Spearman e porcentagem de animais coincidentes para as três características entre as regiões foram todas maiores que 0,90 e, portanto, próximas de um. Os resultados obtidos demonstram não haver interação genótipo x ambiente para as três características avaliadas dentro das distintas classificações climáticas no Paraná. Ou seja, a estimativa do valor gênico de um animal em determinada região poderá também ser utilizado para outra região, sem significativo viés no progresso genético da característica. Além do mais, como não houve alteração significativa da predição genética entre regiões do Paraná, apenas um programa de seleção pode ser adotado, o qual incluiria todos os rebanhos da raça Holandesa do estado, reduzindo seu custo e tempo.

Palavras-Chave: clima subtropical, correlação genética, eficiência de seleção, parâmetros genéticos, reclassificação de touros

ABSTRACT

Moreira, Raphael Patrick. **Study of the genotype x environment interaction on productive traits in Holstein Cattle in different regions of Paraná.** 2017. 64. Dissertação de Mestrado em Zootecnia – Universidade Estadual de Ponta Grossa. Ponta Grossa, 2017.

The wide use of artificial insemination has favored that different genotypes be distributed in different regions around the world. The lack of adaptation to some environmental conditions can cause an effect called genotype x environment interaction, mainly in polygenic characteristics, with changes in genetic parameters. The objective of this study was to evaluate the genotype x environment interaction through genetic correlations for milk yield (MY), milk fat yield (FY) and milk protein yield (PY). A total of 57,967 primiparous cows with lactations between 1990 and 2015 and a relationship matrix of 106,848 animals were used to estimate the genetic correlation between three regions of different climates. The database used belongs to the Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa- APCBRH and was divided by region according to the climatic classification in, R1) mesothermic climate moist and super humid, R2) mesothermic climate without dry season, R3) mesothermic climate with dry season. The effects included in the model were fixed effects of the contemporary group (herd and year of birth), as covariate the age at birth and the additive genetic effect as random effect. The genetic parameters were estimated by the REML method, using the VCE 6.0 program. To obtain the genetic values, the PEST2 program was used, in which the bulls were later classified and submitted to the Pearson and Spearman correlations, respectively. The coincident animals between the regions were verified, considering the bulls 10% better classified of each region for the accomplishment of the statistical comparison. The heritability between the regions ranged from 0.16 to 0.21 for MY, from 0.17 to 0.25 for FY and from 0.10 to 0.17 for PY. Genetic correlations, Pearson correlations, Spearman correlations and percentage of coincident animals for the three characteristics between regions were all higher than 0.90 and therefore close to one. The results obtained demonstrate that there is no interaction genotype x environment for the three characteristics evaluated within the distinct climatic classifications in Paraná. That is, the estimation of the genetic value of an animal in one region may also be used for another region, without significant bias in the genetic progress of the trait. Moreover, since there was no significant change in genetic prediction between regions of Paraná, only one selection program could be adopted, which would include all the herds of the state of Holstein, reducing their cost and time.

Keywords: efficiency selection, genetic correlation, genetic parameters, reranking, subtropical climate

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Distribuição climática do estado do Paraná, dividida em R1) clima mesotérmico úmido e super úmido; R2) clima mesotérmico sem estação seca; R3) clima mesotérmico com estação seca e R4) clima tropical super úmido, de acordo com a classificação disponibilizada pela SEAB (2000).....	40
Figura 2 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 385,44$) e R2 (PTA $\geq 363,32$).	46
Figura 3 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 385,44$) e R3 (PTA $\geq 316,17$).	46
Figura 4 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 363,32$) e R3 (PTA $\geq 316,17$).	46
Figura 5 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 14,40$) e R2 (PTA $\geq 13,99$).....	47
Figura 6 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 14,40$) R3 (PTA $\geq 11,04$).....	47
Figura 7 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 13,99$) e R3 (PTA $\geq 11,04$).....	47
Figura 8 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 10,23$) e R2 (PTA $\geq 9,51$).....	48
Figura 9 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 10,23$) e R3 (PTA $\geq 7,67$).....	48
Figura 10 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 9,51$) e R3 (PTA $\geq 7,67$).....	48

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estatística descritiva dos dados de primeira lactação para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3. ...	43
Tabela 2 - Variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e variância fenotípica (σ_p^2) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3.	43
Tabela 3 - Herdabilidades (na diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3.	44
Tabela 4 - Correlações de Pearson (acima da diagonal) e correlações de Spearman (abaixo da diagonal) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) entre R1, R2 e R3.	45
Tabela 5 - Valores genéticos preditos para a produção de leite (PL) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.	56
Tabela 6 - Valores genéticos preditos para a produção de gordura no leite (PG) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.....	56
Tabela 7 - Valores genéticos preditos para a produção de proteína no leite (PP) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.....	57

SUMÁRIO

1. CAPÍTULO I – REVISÃO DE LITERATURA.....	12
1.1. INTRODUÇÃO	12
1.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	14
1.3. METODOLOGIA	28
1.4. REFERÊNCIAS.....	32
2. CAPÍTULO II – INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS NA RAÇA HOLANDESA	37
2.1. INTRODUÇÃO	37
2.2. MATERIAIS E MÉTODOS.....	39
2.3. RESULTADOS	43
2.4. DISCUSSÕES	49
2.5. CONCLUSÕES	59
2.6. REFERÊNCIAS.....	60

1. CAPÍTULO I

REVISÃO DE LITERATURA

1.1. INTRODUÇÃO

O fenótipo de determinada característica é expresso através da soma do efeito genético com o efeito ambiental. Entretanto pode haver outro fator a contribuir para a sua expressão, o qual denominamos de interação genótipo x ambiente (IGA). Este efeito é devido à alteração da expressão do genótipo, quando o animal é disposto em condições ambientais distintas. Desta forma o valor genético do animal quando pode sofrer alterações quando o mesmo é alocado em diferentes situações de temperatura, umidade relativa do ar, nutrição, sistema de produção e manejo (ZWALD et al., 2003; KEARNEY et al., 2004; FULKERSON et al., 2008; BOHLOULI et al., 2014; VAN DER LAAK et al., 2016).

Características como a produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite são de extrema importância dentro do setor lácteo no Brasil. Ao produtor, acréscimos na média destas características podem ser traduzidos em maior rentabilidade, já que diversos laticínios podem efetuar o pagamento diferenciado pelo litro do produto. Além disso, o rendimento de produtos lácteos nos laticínios, como o queijo pode ser elevada. Assim melhorias nestas características tendem a traduzir benefícios para toda a cadeia de produção de leite (CARDOSO et al., 2004; BOLIGON et al., 2005). A IGA tende a ocorrer com maior intensidade sobre estas características. Isto ocorre pelo fato destas serem ditas poligênicas, ou seja, são influenciadas por vários genes. Desta forma, a possibilidade de algum gene sofrer influência ambiental em sua expressão é elevada (PEREIRA, 2012). As principais consequências que a IGA pode causar é alteração das variâncias (genéticas, residuais e fenotípicas), da herdabilidade e do valor genético dos animais quando dispostos em ambientes desiguais (HAMROUNI et al., 2014).

O estado do Paraná no ano de 2014 produziu 4,5 bilhões de litros de leite, ocupando a 3ª posição nacional (DERAL, 2014). A produção se distribui por toda a extensão do estado, mas com destaque para a região oeste, sudoeste e centro-oriental, esta última com as maiores produtividades. O Paraná possui uma grande diversidade climática, e segundo classificação da SEAB (2000) elas são clima mesotérmico com estação seca, clima mesotérmico sem estação seca, clima mesotérmico úmido e super úmido e clima tropical super úmido. Existe uma escassez de trabalhos buscando verificar a existência da IGA dentro do estado do Paraná. Apenas Paula et al. (2009) avaliaram a IGA para a produção de leite aos 305 dias entre sete

bacias leiteiras paranaenses, obtendo uma forte expressão da mesma para a característica. Para a produção de gordura e proteína no leite não existem trabalhos que evidenciem a IGA entre regiões do estado.

Desta forma, os programas de seleção dentro do estado do Paraná podem ser ineficientes pela carência de informações a respeito da IGA sobre estas características. É imprescindível conhecermos seus efeitos para que possamos agir com cautela e eficiência em programas de seleção, já que a escolha errada de determinados touros em algumas regiões, pode prejudicar o progresso genético do rebanho.

1.2. REVISÃO DE LITERATURA

De acordo com os dados da USDA (2014), o Brasil, em 2014 ocupou a quinta posição global na produção de leite, com um total de 33,3 bilhões de litros, perdendo apenas para a União Europeia (144,7 bilhões de litros), Índia (141,1 bilhões de litros), Estados Unidos (93,1 bilhões de litros) e China (38,5 bilhões de litros). Ademais, conforme Brasil (2017) a projeção para produção de leite para o ano de 2027 é de 42,6 bilhões de litros, um crescimento de 3,0% ao ano.

A produção leiteira possui grande importância em termos econômicos ao país, sendo a principal atividade de produção animal, somente no ano de 2012 rendeu um total de R\$ 26,77 bilhões de reais (IBGE, 2012). Entretanto, a produtividade de leite por vaca no Brasil está muito aquém do seu real potencial. De acordo com Muniz & Queiroz (2012) a produtividade por vaca ordenhada/ano no Brasil é de 1,28 toneladas de leite por cabeça, muito abaixo de países como a China (2,83 toneladas de leite/cabeça/ano) e Estados Unidos (9,34 toneladas de leite/cabeça/ano). Como já mencionado, o Brasil deverá demonstrar um crescimento de 3,0% ao ano na produção de leite, deste modo há a necessidade precípua de viabilizar meios de incremento na produtividade do rebanho leiteiro, a curto e longo prazo.

Boligon et al. (2005), destacaram que a raça Holandesa possui extrema importância na cadeia produtiva de leite do Brasil, já que a raça pura ou em cruzamento é responsável por considerável parcela da produção de leite do país. Os autores observaram médias de produção de leite de vacas holandesas iguais a $6.862,80 \pm 1.881,21$ kg/ano e produção de gordura de $228,63 \pm 78,01$ kg/ano, valores superiores em relação à média brasileira de produtividade de leite, a qual se situa em torno de 1.850 kg/ano (ANUALPEC, 2015). A raça Holandesa, também denominada Holstein Friesian, apresenta as características para as quais foi selecionada, sendo animais com aptidão para a produção de leite, corpo anguloso, amplo e descarnado, pescoço longo e definido e úbere bem definido (BLANQUE E GASQUE, 2001). Avaliando a eficiência de produção da raça Holandesa e Jersey, Prendiville et al. (2009) relataram que a primeira possui maior potencial de produção de leite (18,3 vs 13,8 kg/dia), entretanto menor teor de gordura e proteína (3,96 vs 5,33 %; 3,49 vs 4,06, respectivamente). Apesar das quantidades relativas de sólidos serem menores que a raça Jersey, a produção total de sólidos não diferiu entre as duas raças, portanto podemos dizer que a raça Holandesa possui elevado potencial em sistemas de produção de leite. Como esta linhagem é adaptada ao clima temperado, ou seja, foi criada por várias gerações neste ambiente favorecendo genes

que a permitiram sobreviver sobre estes locais, poderá haver influência das condições climáticas tropicais e subtropicais (BOURDON, 2000).

A seleção genética dos rebanhos leiteiros brasileiros se baseia principalmente em características que elevam a rentabilidade do sistema de produção, das quais podemos citar principalmente a produção de leite, produção de gordura e produção de proteína, já que estas são passíveis de bonificação pelos laticínios (CARDOSO et al., 2004; BOLIGON et al., 2005; SBRISSIA, 2005). Consoante Silva et al. (2012) existem dois caminhos para elevar a produtividade dos rebanhos leiteiros brasileiros. O primeiro deles seria a melhoria no manejo geral, alimentação, na sanidade, na reprodução e nas instalações, os quais conferem resultados de resposta rápida e de elevado impacto. O outro caminho seria o melhoramento genético, o qual é mais lento, entretanto de caráter cumulativo. Para o progresso genético é imprescindível o conhecimento da herdabilidade da característica, a qual nos indica a proporção da variação total que é de origem genética (PEREIRA, 2012). De acordo com a EMBRAPA (2011) as herdabilidades da raça Holandesa no Brasil para produção de leite, produção de gordura e produção de proteína são de 0,25, 0,25 e 0,22, respectivamente, sendo considerada de média magnitude. Neste caso, percebemos que estas características são os resultados das diferenças no ambiente, e que a correlação entre o fenótipo e o genótipo é de média magnitude.

De acordo com Rodrigues & Rodrigues (2009), a inseminação artificial (IA) é uma ferramenta de melhoramento genético, pelo fato do sêmen provado poder ser utilizado em diferentes rebanhos. No Brasil a inseminação artificial foi inicialmente introduzida no ano de 1940, e em 2013 a quantidade de sêmen comercializado para vacas Holandesas foi de 3,12 milhões de unidades, representando 58,20% do sêmen comercializado para as raças leiteiras (deste total, 79,34% é sêmen importado), demonstrando a grande escala de utilização desta biotecnologia para a produção de leite (ASBIA, 2013). Entretanto, a larga utilização da IA nos sistemas de produção leiteira favoreceu para que uma ampla quantidade de genótipos selecionados em subpopulações fossem distribuídos por diversos tipos de ambiente (SAVAR SOFLA et al. 2011; BOHLOULI et al., 2014). A introdução destes genótipos em ambientes distintos pode conduzir à ausência de adaptação de alguns animais às condições específicas de produção, e isto poderia alterar as variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas, consequentemente influenciando sobre a estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos (ALENCAR et al., 2005; HAMROUNI et al., 2014).

O efeito pronunciado de ambiente ocorre principalmente em características ditas econômicas, as quais são de natureza poligênica, ou seja, são controladas por um grande

número de pares de genes (PEREIRA, 2012). Devido ao envolvimento e cooperação de muitos genes para a expressão destas características, alterações no ambiente (tais como nutrição, tipo de manejo, temperatura, etc) podem exercer um efeito decisivo nas condições ideais para a função dos mesmos (YAEGHOobi et al., 2009).

A diferença na plasticidade existente entre os diferentes genes confere que alguns destes apenas consigam se expressar adequadamente em ambientes específicos, sendo que genes favoráveis em determinadas condições ambientais podem não o ser em outros tipos de condições. Segundo Ramalho et al. (2012) quando vacas da raça Holandesa de primeira lactação foram distribuídas em fazendas com dois níveis de manejo (alto e baixo) houve redução em características produtivas como duração da lactação (400 dias – alto vs 154 dias – baixo), produção de leite (3438 kg/lactação – alto vs 772 kg/lactação – baixo) e produção de gordura (126,6 kg – alto vs 28,4 kg – baixo), ilustrando que presumivelmente haverá um efeito pronunciado dos fatores ambientais de alta importância sobre os animais, e que podem prejudicar os sistemas de produção.

Para Falcão et al. (2008) nas populações de bovinos leiteiros os ganhos genéticos dependem da acurácia da predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção. A avaliação genética dos animais pode ocorrer não apenas pelo seu potencial genético, mas sim pela sua interação com o ambiente no qual estes expressam sua característica, afetando a predição genética e sua classificação em diferentes ambientes (ARAUJO et al. 2009).

Mulder e Bijma (2005), através de simulações, testaram os efeitos do ambiente sobre o genótipo nos ganhos genéticos obtidos em vários tipos de programas de seleção considerando dois ambientes distintos, e concluíram que menor será o ganho genético quanto menor for a quantidades de animais testados naquele ambiente de produção. Esta variação genética causada por diferentes ambientes é denominada interação genótipo x ambiente (IGA), e vêm sendo estudada por diversos autores como Rorato et al. (2000), Hayes et al. (2003), Cerón-Muñoz et al. (2004), Fulkerson et al. (2008), Falcão et al. (2008), Hammami et al. (2009), Paula et al. (2009), Tsiokos et al. (2009), Yaeghoobi et al. (2009), Savar Sofla et al. (2011), Hamrouni et al. (2014), Tiezzi et al. (2015) e Tsuruta et al. (2015) na raça Holandesa; Araújo et al. (2001) na raça Pardo-Suíço; e Alencar et al. (2005) em bovinos de corte. Segundo Hayes et al. (2003) um dos principais efeito da IGA é a alteração na classificação de touros em diferentes ambientes de produção.

Quando existe IGA sobre determinada característica os grupos genéticos que a expressam se alteram quando dispostos em distintos ambientes (ARAUJO et al., 2009). Desta

forma, segundo Falconer et al. (1996) a mesma característica deve ser comparada como características diferentes, quando presentes em ambientes distintos.

Savar Sofla et al. (2011) citaram que podemos avaliar a interação G x E através de três métodos: 1) Correlação entre valores genéticos, Mukherjee et al. (1980) demonstraram que aves alteravam seus valores genéticos entre diferentes ambientes; 2) Utilização de modelos de análise multivariada de cluster, onde se pode considerar o efeito climático de vários países no modelo; e 3) Correlação genética entre os ambientes utilizando modelos multicausais. Este último modelo determina o coeficiente de correlação genética de alguma característica entre diferentes zonas climáticas (YAEGHOBI et al., 2009).

Robertson et al. (1959) determinaram que quando a correlação genética entre a mesma característica em diferentes ambientes é menor que 0,80 podemos considerar que existe um efeito significativo da IGA. Assim a variância da característica pode sofrer alterações e influenciará o valor genético do animal. Quando ocorre a redução da correlação genética sobre a característica em diversos ambientes, há um aumento da necessidade de se trabalhar com programas de melhoramento genético diferentes, na direção de se elevar as respostas obtidas com a seleção ao longo das gerações (SANTANA JUNIOR et al., 2012).

Vários estudos já foram realizados buscando avaliar o efeito que a IGA possui sobre a produção de leite. Hurtado-Lugo et al. (2011) avaliaram a lactação de búfalas do Brasil e Colômbia para descrever o efeito da IGA sobre a produção de leite destes animais. As médias de produção de leite corrigidas para os 270 dias foram de 871 kg e 1.638 kg para búfalas da Colômbia e Brasil, respectivamente. Quando se avaliou as correlações genéticas entre os países para esta característica, a mesma variou de 0,10 à 0,13 indicando que existe uma forte IGA.

Zwald et al. (2003) avaliaram os fatores que podem causar IGA sobre a produção de leite de vacas Holandesas entre Austrália, Áustria, Bélgica, Canadá, República Tcheca, Estônia, Finlândia, Alemanha, Hungria, Irlanda, Israel, Itália, Holanda, Nova Zelândia, África do Sul, Suíça e Estados Unidos da América. Neste estudo ele dividiu os rebanhos em grupos homogêneos para avaliar o efeito de algumas variáveis ambientais, as quais foram: *Quintile 1* (Pico de produção – 18,4 kg; relação gordura:proteína – 1,12; Temperatura máxima (°C) – 17,1; pluviosidade média anual (cm) – 21,9); *Quintile 2* (Pico de produção – 23,1 kg; relação gordura:proteína – 1,19; Temperatura máxima (°C) – 21,7; pluviosidade média anual (cm) – 28,4); *Quintile 3* (Pico de produção – 25,6 kg; relação gordura:proteína – 1,26; Temperatura máxima (°C) – 23; pluviosidade média anual (cm) – 30,1); *Quintile 4* (Pico de produção – 28 kg; relação gordura:proteína – 1,31; Temperatura máxima (°C) – 25,5; pluviosidade média

anual (cm) – 32,7); e *Quintile 5* (Pico de produção – 31,8 kg; ; relação gordura:proteína – 1,36; Temperatura máxima (°C) – 28,5; pluviosidade média anual (cm) – 45). Neste estudo houve uma correlação genética entre o tamanho do rebanho de 0,78, demonstrado haver efeito da IGA sobre esta variável, e que pode ser utilizada como um indicador do nível de manejo do sistema produtivo. Para o pico de produção entre os níveis extremos (*quintile 1* e *quintile 5*) a correlação obtida foi igual a 0,84. O valor para a temperatura média anual variou entre os níveis, mas foi somente significativa entre os extremos (*quintile 1* e *quintile 5*), onde a correlação foi igual a 0,66 indicando efeito da IGA nesta variável. Também foi verificada uma elevada alteração sobre a herdabilidade da produção de leite, sendo para o *quintile 1* – clima quente (0,26) e *quintile 5* - clima frio (0,39). A pluviosidade média anual entre os níveis extremos não demonstraram efeito pronunciado de IGA, já que a correlação entre os mesmos foi de 0,94. A relação de gordura:proteína não demonstrou um efeito significativo da IGA (correlação igual a 0,90), e isto demonstrou que não pode ser uma característica utilizada com êxito para avaliar os tipos de manejo, pois como alta quantidade de gordura reflete em uma alimentação com maiores teores de forragem (sistema em pastejo), se esperaria que houvesse IGA significativa em contraste com sistemas em confinamento (menor relação gordura:proteína).

Hammami et al. (2009) avaliaram a lactação da raça Holandesa para se obter informações do efeito da IGA dentro da Tunísia e de Luxemburgo, e entre estes dois países. Foram avaliados os efeitos do tipo de manejo adotados, sobre a produção de leite destes animais, os tipos de manejo: alto; médio; e baixo. As correlações genéticas entre os níveis de alto e baixo foram igual 0,76 indicando efeito do nível de manejo sobre a produção de leite. Quando se avaliou os níveis de manejo dentro da Tunísia os efeitos foram mais pronunciados, variando de 0,33 à 0,78 indicando uma forte influência entre os níveis de manejo, e um potencial alteração na classificação de touros neste país, para a produção de leite.

Ramirez-Valverde et al. (2010) estudaram o efeito que as diferenças entre o manejo em confinamento e em pastagem possuem sobre a produção de leite. Para tanto o mesmo utilizou dados de lactações da raça *Jersey* pertencente ao México, para avaliar a produção de leite ajustada aos 305 dias (PL) entre os dois sistemas produtivos. As herdabilidades obtidas para PL foi maior para o sistema em confinamento (0,27) quando comparado com o sistema em pastejo (0,15). A correlação genética entre os sistemas foi igual a 0,76 indicando um efeito da IGA, e isto foi devido principalmente à diferença de produção entre os mesmos, já que o sistema confinado indicou a produção de 64% mais leite que aquele em pastejo. Também foi calculada a correlação existente entre os valores genético preditos entre os dois sistemas, e ele

se mostrou elevado (0,96), e maior que o indicado por Robertson (1959) para se indicar IGA. A coincidência entre os valores genéticos dos 100 melhores touros foi igual a 0,86, indicando que o rerankeamento de touro foi de baixo a moderado entre os dois sistemas.

Ao examinar a produção de vacas Holandesas no Brasil para distinguir o nível de manejo adotado com os rebanhos, Rorato et al. (2000) analisaram dados totais da primeira lactação de 14.238 vacas filhas de 233 touros e distribuídas em 377 rebanhos. Os dados foram distribuídos de acordo com a média de produção de leite do rebanho, sendo: nível baixo (B) para as produções por lactações, ajustadas à idade adulta, abaixo de 5.500 kg, médio (M) de 5.501 kg a 6.500 kg e alto (A) acima de 6.500 kg. De acordo com a variância de ambiente avaliada, o nível B apresentou o menor valor (594.785) quando comparada com os níveis M e A (1.168.903 e 1.164.211, respectivamente), sendo responsável por 34%, 70% e 64% da variação total para os níveis B, M e A, respectivamente. Segundo o autor, isto indica uma "compressão" da variância genética, favorecendo para que o ambiente desfavorável possa incapacitar os animais de expressarem o seu real potencial genético. As correlações genéticas entre os estratos de produção foram de 0,42 entre os níveis B x M; 0,26 entre os níveis B x A; e 0,98 entre os níveis M x A. Ficou claro que entre os níveis B x M e B x A devemos levar em conta o efeito da IGA em programas de seleção genética, já que os reprodutores poderão expressar frações diferentes do valor genético predito. Já entre os níveis M x A sugeriu-se que filhas de um mesmo reprodutor expressaram de forma semelhante à produção de leite em ambientes distintos.

Fulkerson et al. (2008) avaliaram o efeito que os níveis de concentrado na dieta possuem sobre a produção de leite. As análises foram realizadas com dados de produção de vacas Holandesas da Austrália de dois tipos de méritos genéticos (elevado mérito genético e baixo mérito genético), as quais foram mantidas em pastejo recebendo três níveis de concentrado: *low* C- 0,34 t de MS/lactação/vaca; *medium* C- 0,84 t de MS/lactação/vaca; e *high* C- 1,71 t de MS/lactação/vaca. Os resultados desta pesquisa mostraram que as vacas com alto valor genético e baixo valor genético, quando recebiam *low* – C, apresentaram uma diferença de produção de gordura mais proteína de apenas 27 kg/vaca/lactação, bem aquém da diferença de seus reais valores genéticos (46,8 kg) para estas características indicando um efeito pronunciado da quantidade de concentrado na dieta destes animais sobre a PL.

Savar-Sofla et al. (2011) estudaram o efeito da IGA sobre a produção de leite aos 305 dias de 102.371 vacas Holandesas em 5 grupos climáticos presentes no Iran (deserto seco, semi seco, mediterrâneo, húmido e semiúmido). Este autor encontrou médias de produção de

leite de 6378,05 kg, 5967,28 kg, 5854,18 kg, 5537,53 kg e 4873,43 kg para semi seco, mediterrâneo, deserto seco, semiúmido e úmido, respectivamente.

As correlações genéticas entre os tipos climáticos não foram significativas para os climas: mediterrâneo x deserto seco (0,99); húmido x deserto seco (0,84); semiúmido x deserto seco (0,96); mediterrâneo x semi seco (0,98); semiúmido x semi seco (0,98); semi seco x deserto seco (1); mediterrâneo x semiúmido (1); e semiúmido x úmido (1). Entretanto houve efeito da IGA para os climas úmido x semi seco (0,73) e úmido x mediterrâneo (0,66). Quando se calculou a correlação de Pearson sobre os valores genéticos dos touros em cada região, apenas as regiões úmido x mediterrâneo apresentaram valores significativos (0,87), indicando que a IGA poderia causar uma reclassificação dos touros.

Também ao considerar as lactações de vacas holandesas do Iran, Bohlouli et al. (2014) estudaram o efeito da temperatura em diferentes regiões climáticas, sendo elas fria, semifria, moderada e quente. Neste estudo a produção de leite aos 305 dias não sofreu efeito significativo da IGA entre as regiões frias, semifrias e moderadas, sendo as correlações genéticas todas maiores que 0,84. Quando se avaliou as regiões, fria x quente e moderada x quente as correlações foram 0,74 e 0,75, respectivamente, indicando haver efeito da IGA.

Na sondagem de dados de lactação de 6.912 vacas Holandesas de diferentes regiões da Tunísia (região Central, Norte e Sul), Hamrouni et al. (2014) encontrou valores de correlações genéticas para produção de leite até aos 305 dias variando de 0,20 a 0,48 entre as regiões, o que reduzia os ganhos genéticos ao passar das gerações e também o retorno econômico dos sistemas de produção na Tunísia, pelo forte impacto do ambiente sobre a produção de leite.

Valencia et al. (2008) estudaram a IGA em três diferentes regiões do México, as quais eram Norte (Árido; Temperatura anual: 14 – 18° C; índice pluviométrico anual : 200 – 400 mm), Central (Temperado Semiúmido; Temperatura anual : 18 – 20° C; índice pluviométrico anual : 450 – 900 mm) e Sul (Temperado úmido; Temperatura anual : 14 - 16° C; índice pluviométrico anual : 600 – 1200 mm). A região Norte apresentou as temperaturas mais extremas, e a região Sul o maior índice pluviométrico. As correlações genéticas entre os pares de regiões foram avaliadas para se determinar o efeito da IGA sobre a produção de leite aos 305 dias, sendo o contraste entre as regiões Central e Norte, e Sul e Norte (0,73 e 0,38, respectivamente) significantes, indicando o efeito da IGA sobre o valor genético dos animais. A região Central e Sul apresentou valor de 0,93, não correspondendo à IGA pronunciada entre filhas de mesmo touro entre estas duas regiões. Estes resultados indicaram que o valor genético dos animais pode sofrer alterações, principalmente entre as regiões Sul e Norte, que apresentam as maiores amplitudes climáticas, diferenças alimentares e no manejo animal.

Cerón-Muñoz et al. (2004) utilizaram a metodologia de cluster para avaliar o efeito da IGA entre rebanhos da raça Holandesas provenientes do Brasil e Colômbia. Para tanto foram avaliadas 180.522 lactações de 94.558 vacas distribuídas em variáveis descritivas do rebanho, sendo assim, os animais foram divididos em três clusters (cluster 1, cluster 2 e cluster 3). A maior média de produção de leite justada aos 305 dias foi obtida para a cluster 3 (7.359,80 kg) seguida pelo cluster 2 (6.440, 37 kg) e cluster 1 (5.977,82 kg). Quando avaliada a herdabilidade para PL entre as classes cluster a mesma variou de 0,28 a 0,37, sendo a maior para o cluster 2 (média de produção intermediária), indicando que existe diferenças sobre este parâmetro.

As correlações genéticas entre os clusters se situou entre 0,89 e 0,97, acima do valor indicado para presença da IGA (0,80), mas com possível efeito sobre a reclassificação de touros. O autor concluiu que os critérios de agrupamento de rebanho são eficientes para caracterizar e estratificar os sistemas de produção entre o Brasil e a Colômbia, e também que os dois países possuem sistemas semelhantes de produção, de manejo e composição genética. Entretanto, mesmo com correlação alta entre os países, o estudioso indicou que há que se considerar efeito que a IGA possui sobre touros utilizados nestes dois países.

As lactações de vacas Pardo Suiço distribuídas em 62 rebanhos das regiões do Centro-Oeste, Sul e Sudeste do Brasil foram investigadas por Araújo et al. (2009), e neste estudo foi descrito o efeito da IGA em dois grupos de animais com desvios-padrões distintos para a produção de leite: baixo desvio-padrão (formado por rebanhos que apresentavam desvio-padrão fenotípico igual ou inferior a 1.500 kg) e alto desvio padrão (rebanhos que apresentavam desvio-padrão fenotípico superiores a 1.500 kg). Ademais se inferiu que as médias de produção foram maiores nos níveis de alto desvio-padrão (5.802,02 kg vs 4.844,37 kg). A correlação genética entre os níveis de desvio-padrão foi igual a 0,48, indicando que os animais são classificados de forma distinta entre os níveis. Foi também avaliada a resposta esperada à seleção na classe de baixo desvio-padrão pela seleção na classe de alto desvio-padrão, admitindo-se a mesma intensidade de seleção. Este valor foi igual a 0,66 indicando que animais selecionados no nível de alto desvio-padrão conduzem a menores respostas no desempenho dos reprodutores, quando submetidos a rebanhos com classe menor de desvio-padrão. De acordo com este estudo quanto mais se eleva a intensidade de seleção dos animais, mais se reduz a correlação do nível de baixo desvio-padrão com o a classe de alto desvio-padrão e os níveis em geral, deste modo rebanhos mais variáveis contribuem com maior participação na predição de valores genéticos.

Ao considerar o contraste existente entre estados brasileiros (Rio Grande do Sul - RS, Minas Gerais - MG, São Paulo - SP, Santa Catarina - SC e Paraná - PR), Falcão et al. (2008) estudou dados de lactação de 52.782 vacas holandesas para verificar a presença de IGA na produção de leite aos 305 dias. A similaridade genética (razão entre o número de dos touros comuns entre o par de estados e o número de filhas de todos os touros usados no respectivo estado) calculada entre os estados variou de 0,29 a 0,68, onde os estados de SP x PR (0,62) e MG x PR (0,68) apresentaram os maiores valores e também os maiores números de touros comuns com mais de quatro filhas. Todas as regiões apresentaram, neste estudo, correlação genética baixa (0,07 à 0,33) e diferenças estatísticas entre si ($P < 0,001$), sendo as maiores estimativas entre os Estados de SP x PR (0,33) e MG x PR (0,19). As menores correlações verificadas foram obtidas entre estados mais contrastantes (SC x MG, SC x SP, RS x MG e SC x PR). Também se avaliou a correlação de *Spermann* entre os estados para tentar se verificar reclassificação de touros. Os valores máximos e mínimos de correlações de postos foram 86,1 e 73,3% entre os estados de SP e SC e RS e MG, respectivamente, deste modo todas as áreas apresentaram reclassificação no valor genético dos touros, sendo aqueles menores que 0,80 mais expressivos. Estes dados demonstraram que IGA deve ser considerada em programas de seleção em nível de Brasil, já que estes efeitos têm uma grande possibilidade de frustrar o produtor no progresso genético com animais ditos melhoradores.

Paula et al. (2009) estudaram 117.082 registros de lactação de 49.676 vacas holandesas distribuídas em 308 rebanhos e divididas em sete bacias leiteiras do Paraná (Castro, Carambeí, Witmarsun, Arapoti, Sul, Norte e Oeste), para descrever o efeito da IGA na produção de leite ajustada aos 305 dias. A similaridade genética entre as bacias foi de 0,58 à 0,90, e na média foi maior que o obtido por Falcão et al. (2008) que trabalhou com IGA entre estados. As médias de produção de leite para Castro, Carambeí, Witmarsun, Arapoti, Sul, Norte e Oeste foram de 8.414 ± 1.825 kg, 8.481 ± 2.010 kg; 7.636 ± 1.594 kg; 7.850 ± 1.795 kg; 8.617 ± 2.050 kg; 7.401 ± 1.809 kg; e 7.336 ± 2.456 , respectivamente. As herdabilidades para a PL nos estados foram de média magnitude com valores iguais a 0,27; 0,23; 0,28; 0,28; 0,29; 0,29; e 0,39 para Castro, Carambeí, Witmarsun, Arapoti, Sul, Norte e Oeste, respectivamente. Quando se assumiu as correlações genéticas para PL entre as bacias leiteiras elas se situaram entre 0,09 (Witmasun x Oeste) à 0,57 (Carambeí x Arapoti). A reclassificação de touros também foi avaliada, sendo a correlação de *Pearson* variando de 0,37 à 0,41 e *Sperman* de 0,37 à 0,49. Houve coincidência na classificação de touros entre as bacias leiteiras de Castro e Carambeí, e de Witmarsun e Arapoti, contudo o valor genético dos

touros não foi semelhante em nenhuma bacia. Este estudo destacou o IGA em nível de estado, no qual as características ambientais tendem a ser mais homogêneas.

Yaeghoobi et al. (2009) estudaram o efeito da IGA sobre a produção de leite e gordura do leite da primeira lactação de vacas Holandesas provenientes do Irã. As quatro províncias das quais os rebanhos eram originados foram divididos em dois grupos climáticos, semi-seco (Kermanshah e Hammedan) e Mediterrâneo (Ilam e Kurdistan). A produção de leite e de gordura foi maior nos animais presentes no clima mediterrâneo (5.954,60 e 203,584, respectivamente), indicando que como os animais possuíam as mesmas bases genéticas. Este clima oferece aos mesmos, condições ambientais (nutrição, higiene, manejo, etc.) mais adequadas para a expressão de seus reais potenciais. As herdabilidades para a produção de leite ajustada aos 305 dias foram de 0,2014 e 0,2486 para os climas semi-seco e mediterrâneo, nesta ordem, e para a produção de gordura no leite de 0,0810 e 0,0960, respectivamente. Como a produção de gordura demonstrou baixa herdabilidade, há evidências de que o ambiente pode afetar consideravelmente estas características. Demonstrando a correlação genética entre os tipos climáticos, verificou-se que foram significativamente diferentes, sendo que para a produção de leite o valor de P foi igual a 0,040 e para produção de gordura no leite de 0,031. Nesta investigação ficou claro o efeito da IGA sobre a produção de gordura.

Bohlouli et al. (2014) também avaliaram a produção de gordura ajustada aos 305 dias (PG305) e produção de proteína ajustada aos 305 dias (PP305) de vacas holandesas em diversas regiões do Iran (fria, semi-fria, moderado e quente). Neste trabalho foi verificado que as herdabilidades para as características sofreram alterações de acordo com o tipo climático e também com o estágio de lactação do animal. O tipo climático quente apresentou menores valores de herdabilidades para as características influenciando que estas regiões possuem um maior efeito do ambiente sobre a expressão dos genes dos animais. Na produção de gordura do leite apenas o contraste entre os climas quente x semi-frio se mostrou significativo (0,74). Sobre a produção de proteína todos demonstraram alterações significativas dos valores genéticos dos animais de acordo com o tipo climático, com exceção das regiões fria x semi-fria (0,81) e semi-fria x moderada (0,89). Estes resultados demonstraram que há uma alteração dos valores genéticos dos animais, e provavelmente reclassificação de touros entre regiões, e que principalmente sobre estas características produtivas os animais criados sobre o clima frio quando dispostos no clima quente irão sofrer drásticas alterações em seus potenciais produtivos.

Ao empregar modelos não lineares de normas de reação para avaliar a produção de leite, produção de gordura no leite, produção de proteína no leite e contagem de células

somáticas, Streit et al. (2012) conduziu um estudo na Alemanha com a raça Holandesa. Os modelos consideraram as diferenças entre os ambientes de produção através da quantidade de células somáticas dos animais, produção diária de leite e energia no leite produzido, sendo obtidos através dos modelos sete diferentes ambientes produtivos. Na sua totalidade as características apresentaram correlações genéticas maiores que 0,90. O autor considerou que o efeito da IGA através das correlações genéticas utilizando modelos não lineares de normas de reação no estudo não foi efetivo a ponto de causar *rerankeamento* de touros para as características mencionadas.

Para esclarecer a interação genótipo x ambiente para a produção de proteína do leite, Norberg et al. (2014) avaliaram dados de Jerseys Dinamarquesas. Para tanto o autor estratificou os níveis de produção de proteína para distinguir as diferenças nas condições ambientais, e elas foram: ambiente 1 = 165 kg, ambiente 2 = 183 kg, ambiente 3 = 194 kg, ambiente 4 = 204 kg e ambiente 5 = 221 kg. As correlações genéticas entre os níveis foi significativa apenas entre o ambiente 1 e o ambiente 5 (0,721) indicando a presença da IGA para produção de proteína entre filhas do mesmo touro nestes dois ambientes. Entre as outras condições ambientais as correlações variaram de 0,802 e 0,995, não evidenciando efeito significativo da IGA.

Entre os sistemas de produção orgânica e convencional existem diferenças significativas de manejo, como o uso restrito de concentrado (os animais recebem no mínimo 60% da MS da dieta de forragem conservada ou fresca), não utilização de fertilizantes químicos e uso limitado de antibióticos. Em busca de esclarecer os efeitos que estas alterações possuem sobre características produtivas como, PL305, PG305, PP305, G% e P%, Nauta et al. (2006) analisaram dados de primeiras lactações da raça Holandesa na Holanda. As médias de produção entre o sistema orgânico e convencional foram: PL305 (6.440 kg vs 7,156 kg), PG305 (274 kg vs 310 kg), PP305 (214 kg vs 246 kg), G% (4,29 % vs 4,36 %) e P% (3,34 % vs 3,45 %). Estes dados mostraram que a PL305, PG305 e PP305 foram 10% menor nos rebanhos orgânicos em comparação ao convencional. As herdabilidades avaliadas sofreram diferenças significativas entre os sistemas (orgânico vs convencional), principalmente para PL305 (0,70 vs 0,48), PG305 (0,58 vs 0,39) e PP305 (0,59 vs 0,39), isto se deu segundo ao autor pelo valor baixo de variância residual apresentado pelo sistema orgânico. Para G% e P% as herdabilidades foram semelhantes entre os sistemas (0,79 vs 0,79 para orgânico; 0,70 vs 0,72 para convencional). As correlações genéticas entre os dois sistemas foi de 0,80 para PL305, 0,88 para PG305, 0,78 para PP305, 0,973 para G% e 0,96 para P%. A PL305, PG305, G% e P% foram mais altas que 0,80 não indicando um efeito da IGA mas uma possível

alteração do valor genético dos animais. Para PP305 a IGA foi significativa já que seus valores se encontraram abaixo do considerado. Isto demonstra que pode haver um efeito das diferenciações de manejo encontrado entre o sistema orgânico e convencional sobre estas características produtivas, e que devem ser levada em conta em programas de seleção genética.

Com o intuito de obter informações sobre as diferenças do manejo de vacas Holandesas, Kearney et al. (2004) utilizaram dados de produção de leite, gordura e proteína em animais confinados (controle) e em sistemas de pastejo nos Estados Unidos. Para a pesquisa foram utilizados 82.479 dados de lactações de 34.566 vacas em pastejo, e 142.924 dados de lactações de 60.667 vacas em confinamento. O coeficiente de regressão obtido para as três características não foi significativo para o sistema em confinamento (0,99, 0,96 e 0,98 para leite, gordura e proteína, respectivamente), entretanto quando se avaliou o sistema em pastejo o coeficiente de regressão se mostrou significativamente diferente de 1 ($P < 0,01$) para as três características (0,78, 0,76 e 0,78, para leite, gordura e proteína, respectivamente). Este resultado indica que as diferenças entre a habilidade de transmissão prevista (PTA) dos touros pode estar sendo superestimada nos sistemas em pastejo. Quando se avaliou a correlação genética para as características entre os sistemas de manejo utilizando a média global de produção dos animais, elas foram iguais a 0,89 para produção de leite, 0,88 para produção de gordura e 0,91 para produção de proteína, indicando não haver efeito da IGA sobre as mesmas, entre o sistema confinado e em pastejo. Este estudo também avaliou o efeito dos sistemas, sobre animais com diferentes PTA's (0-25%; 26-50%; 51,75%; 76-100%). Os resultados obtidos indicaram que as diferenças significativas para as correlações entre os sistemas e quartis, se deu apenas entre o menor (0-25%) e maior (76%-100%) quartil no sistema em pastejo para a produção de leite e proteína. Isto ocorreu porque 86 dos 99 rebanhos eram provenientes da Louisiana, onde o verão muito quente frequentemente causa escassez de pastagem. Estas informações indicam que os genes que expressam estas características são distintos quando dispostos em sistemas baixos de produção de pastagem.

As correlações entre o ranking de touros também foram calculadas entre a classificação obtida para o sistema confinado, sistema em pastejo e da USDA-DHIA PTA 792 touros que possuíam pelo menos 5 filhas em cada sistema. A correlação da classificação de touros entre o sistema em confinamento e USDA-DHIA PTA se mostrou ser de 6 a 10% maior em relação ao sistema em pastejo e USDA-DHIA PTA para todas as características.

Avaliando as características de produção da raça Simental (produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite), Gerber et al. (2008) obtiveram

informações da IGA dois diferentes tipos de manejo (intensivo e extensivo) e em duas regiões distintas da Bavária (Sul e Norte). Foram utilizados dados de 327.509 vacas puras, filhas de 278 touros presentes nos dois tipos de ambiente. Quando se calculou a herdabilidade para as características na região Norte, elas foram para o sistema extensivo igual à 0,29, 0,27 e 0,21 para produção de leite, produção de gordura e produção de proteína, respectivamente. No sistema intensivo, na mesma região foram iguais à 0,23, 0,43 e 0,40, indicando uma redução para produção de leite, entretanto um acréscimo para produção de gordura e proteína em relação ao extensivo. Para a região Sul as herdabilidades sofreram decréscimo para o sistema extensivo, as quais foram de 0,27, 0,26 e 0,19. Para o sistema intensivo de produção as herdabilidades foram de 0,28, 0,42 e 0,38, demonstrando que também nessa região houve incremento deste parâmetro para a produção de gordura e proteína. Com respeito às correlações, todas foram maiores que 0,8. Para a região Norte da Bavária a correlação entre os sistemas extensivo e intensivo foi 0,954, 0,941 e 0,897 para produção de leite, gordura e proteína, respectivamente. Na região Sul as mesmas foram de 0,953, 0,937 e 0,949. Estes dados demonstraram que não houve efeito considerável sobre o ranking de classificação dos animais, entretanto um efeito de escala e alterações nos parâmetros genéticos entre sistemas e região deve ser levado em conta nos testes de progênie e predições de valores genéticos.

Montaldo et al. (2015) estimaram as correlações genéticas para características produtivas (PL305, PP305, PG305, porcentagem de gordura no leite – PG% e porcentagem de proteína no leite – PP%) de vacas Holandesas. Foram utilizados dados de lactações de filhas de touros presentes no Chile, Canadá e Estados Unidos (EUA), e assim avaliado o efeito da IGA entre esses países mencionados, e também a interação existente dentro de dois tipos ambientais presentes no Chile, sendo: categoria ambiental alta (rebanhos com médias de produção de leite acima da média geral) e categoria ambiental baixo (rebanhos com médias de produção de leite abaixo da média geral). Avaliando o contraste entre os dois tipos ambientais (Alto vs Baixo) existentes no Chile, as médias de produção foram: PL305 (8.933 kg vs 6.496 kg), PP305 (288 kg vs 209 kg), PG305 (316 kg vs 243 kg), PG% (3,59 % vs 3,74 %) e PP% (3,23 % vs 3,24%). Quando se comparou a média de produção destas características entre os rebanhos dos EUA e do Chile, elas se mostraram 31, 31 e 25% inferiores para os rebanhos do Chile, para a PL305, PG305 e PP305, respectivamente. De acordo com o autor isto foi devido ao fato de que no Chile a maior parte dos sistemas produtivos de leite é à base de pastos, em contraste dos EUA onde os rebanhos são em sua maioria confinados. As herdabilidades calculadas para as características levando em conta os dados dos três países foram de 0,19, 0,21, 0,15, 0,55 e 0,55 para PL305, PG305, PP305, PG% e PP%, respectivamente. As

correlações genéticas entre Canadá x EUA, se mostraram para todas as características avaliadas maiores que 0,91. Quando se avaliou o contraste Chile x Canadá as correlações foram para PL305= 0,80, PG305= 0,61, PP305= 0,70, PG%= 0,94 e PP%= 0,94, e quando se avaliou Chile x EUA foram PL305= 0,79, PG305= 0,68, PP305= 0,77, PG%= 0,94 e PP%= 0,94. Estes valores reduzidos de correlação foram descritos pelo autor como uma IGA causada entre diferenças de sistemas produtivos no Chile (basicamente de pastagem) e Canadá e EUA (confinamento). Entre os níveis ambientais presentes no Chile (Alto e Baixo) as correlações foram iguais a 0,97, 0,98, 0,96, 0,99 e 1,00 para a PL305, PG305, PP305, PG% e PP%, indicando não haver efeito da IGA dentre os níveis para todas as características mencionadas.

Como podemos ver existem vários trabalhos que indicam a presença da IGA sobre as características produtivas em rebanhos leiteiros, que podem em maior ou menor grau afetar o progresso genético em diferentes ambientes (nutrição, manejo, temperatura, umidade, índice pluviométrico, etc). Segundo dados da SEAB (2000), podemos considerar que o Paraná está sob influência de quatro tipos climáticos distintos, sendo eles: 1) Clima mesotérmico com estação seca (verões quentes e baixa incidência de geadas; relevo praticamente plano, com suaves ondulações, colinas de topos aplainados; solos de boa fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850 – 900 metros; características predominantes da região norte); 2) Clima mesotérmico úmido e super úmido (sem estação seca, com inverno rigoroso, geadas severas e frequentes; verões chuvosos e amenos; relevo acidentado e solos com baixa fertilidade natural; altitudes superiores a 850–900 metros; características predominantes na região sul); 3) Clima mesotérmico sem estação seca (inverno rigoroso com média incidência de chuvas e ocorrência de geadas; verões chuvosos e temperatura elevada; relevo plano, pequenas ondulações, solos de alta fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850–900 metros; características predominantes na região oeste); e 4) Clima tropical super úmido sem estação seca (ocorre no litoral paranaense e é isento de geadas, normalmente em regiões de altitude inferior a 50 metros). Deste modo como há uma grande amplitude entre climas dentro do Paraná é possível que estejam refletindo sobre diferenças no valor genético de touros entre regiões (PAULA et al., 2009). Os dados sobre o efeito da IGA na produção de leite são bastante escassos dentro do Paraná, e que avaliam a produção de gordura e proteína são inexistentes. Diante disso tona-se o objetivo do presente trabalho avalia-los, beneficiando toda a cadeia produtiva de leite.

1.3. METODOLOGIA

Foram utilizados neste estudo dados de registros de aproximadamente 57.967 vacas primíparas pertencentes ao banco de dados da Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa – APCBRH. Os mesmos foram obtidos entre os períodos de 1990 a 2015 e mensurados através do controle leiteiro.

As amostras de leite foram coletadas mensalmente, por técnicos da própria associação, com intervalos regulares entre controles consecutivos, admitindo intervalos limites, mínimo de 15 e máximo de 45 dias, sendo que a primeira coleta não ocorreu até o quinto e após o sexagésimo dia pós-parto. Os procedimentos realizados foram de acordo com os recomendados pelos manuais de Operações de Campo (Horst, 2008) e de Coleta de Amostras (Horst, 2010) do Laboratório de Análise da Qualidade do Leite do Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa. Foi coletada a produção de leite, produzida no intervalo de 24 horas de acordo com os horários habituais das ordenhas, delimitadas por três ou quatro, considerando a primeira como de esgotamento. A pesagem ou a medição do volume do leite foi realizada individualmente por animal e ordenha, de acordo com o sistema de ordenha da propriedade. As amostras de leite para análise de seus componentes foram homogeneizadas e envasadas em frascos, devidamente identificadas e encaminhadas ao Laboratório Centralizado de Análise de Leite do Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná, em Curitiba – PR, o qual utilizou o equipamento Bentley NexGen da Bentley Instruments® que inclui o módulo Bentley FTS (Espectrômetro por Transformada de Fourier) para a quantificação da gordura e da proteína do leite.

Para a formação dos arquivos de dados, foram consideradas, em quilogramas, as características de produção de leite (PL), produção de gordura (PG) e produção de proteína (PP). As lactações foram corrigidas para 305 dias, admitindo animais de no mínimo 60 e máximo de 500 dias em lactação. Ainda, foram eliminados dados de vacas com idade ao parto menor que 18 ou maior que 48 meses e dados de produção de leite menores que 500 kg e percentual de gordura e proteína acima de 5,5% e 5%, respectivamente.

O sistema de determinação dos grupos de contemporâneos (GC) teve por base a classificação dos indivíduos pertencentes ao mesmo ano de nascimento e fazenda. Os dados foram editados para eliminar registros que apresentassem erros, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos, progênies de touros que só apareciam em um rebanho e grupos de contemporâneo com menos de 3 animais. As diferentes regiões consideradas foram

divididas conforme a classificação climática disponibilizada pela SEAB (2000), em R1) Clima mesotérmico úmido e super úmido (sem estação seca, com inverno rigoroso, geadas severas e frequentes; verões chuvosos e amenos; relevo acidentado e solos com baixa fertilidade natural; altitudes superiores a 850–900 metros; características predominantes na região sul); R2) Clima mesotérmico sem estação seca (inverno rigoroso com média incidência de chuvas e ocorrência de geadas; verões chuvosos e temperatura elevada; relevo plano, pequenas ondulações, solos de alta fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850–900 metros; características predominantes na região oeste) e R3) Clima mesotérmico com estação seca (verões quentes e baixa incidência de geadas; relevo praticamente plano, com suaves ondulações, colinas de topos aplainados; solos de boa fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850 – 900 metros; características predominantes da região norte). Cabe ressaltar que o R4) clima tropical super úmido não foi considerado no presente trabalho, por não apresentar número suficiente de rebanhos.

Foram realizadas análises que consideram a interação genótipo x ambiente e análises que a desconsideram. Nas análises que desconsideram a interação genótipo x ambiente, os rebanhos foram avaliados por meio de análises de características únicas. Este tipo de análise foi realizado para as três regiões individualmente (R1, R2 e R3) e também para o conjunto formado pelas três regiões juntas (R1+R2+R3), em apenas 1 análise completa. No caso das avaliações que consideraram a interação genótipo x ambiente, foram realizadas análises do tipo multicaracterística, considerando-se a mesma característica em cada região como características distintas. Assim, o modelo utilizado pelas análises conjuntas da característica nas três regiões foi o mesmo utilizado nas análises de característica única, mas considerando a distribuição multivariada e a diversidade entre as três regiões no que se refere às variâncias residuais e genéticas. A conectividade entre os rebanhos foi garantida por touros de conexão, mantendo-se apenas, aqueles com pelo menos uma filha simultaneamente em ao menos duas das três regiões. Em formato matricial, o modelo foi representado por:

$$y = Xb + Za + e$$

em que, y = vetor de observações da característica analisada; b = vetor de soluções para os efeitos fixos contendo grupo contemporâneo e a covariável de idade ao parto; a = vetor de soluções para o efeito aleatório genético aditivo; X e Z = matrizes de incidência para os efeitos fixos, genético aditivo, respectivamente; e = vetor de resíduos aleatórios. Para análise

multicaracterística, considerando a análise conjunta das diferentes regiões, o modelo matricial foi descrito como segue:

$$Y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

em que y_1 é o vetor de observações de PL, PG e PP em R1, y_2 o vetor de observações de PL, PG e PP em R2 e y_3 o vetor de observações de PL, PG e PP em R3, respectivamente; X_1 , X_2 e X_3 , as matrizes de incidência dos efeitos fixos, contidas nos vetores β_1 , β_2 e β_3 , respectivamente; Z_1 , Z_2 e Z_3 , as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos, contidas nos vetores a_1 , a_2 e a_3 , respectivamente; e_1 , e_2 e e_3 , os vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores y_1 , y_2 e y_3 ; 1, 2 e 3, as regiões R1, R2 e R3, respectivamente.

$$\begin{bmatrix} \alpha \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

onde, as matrizes G e R foram definidas como $G = G_0 \otimes A$ e $R = R_0 \otimes I$ respectivamente, em que G_0 = matriz de covariância genética aditiva das três regiões e R_0 = matriz residual para as três regiões onde o animal será observado, determinada respectivamente por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_1 a_3} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2 a_3} \\ \sigma_{a_3 a_1} & \sigma_{a_3 a_2} & \sigma_{a_3}^2 \end{bmatrix}$$

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_1 e_3} \\ \sigma_{e_2 e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2 e_3} \\ \sigma_{e_3 e_1} & \sigma_{e_3 e_2} & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix}$$

em que $\sigma_{a_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ = variância genética aditiva e residual, respectivamente, das i regiões; e $\sigma_{a_i a_j}$ = covariância genética entre as regiões i e j (i e j = 1, 2 e 3, respectivamente). A existência ou não de interação genótipo $\times$ ambiente foi avaliada por meio das correlações genéticas entre as regiões, como descrito por Falconer (1952).

O coeficiente de herdabilidades (h^2) foi estimado para cada característica pela razão entre a variância genética aditiva (σ_a^2) e a variância fenotípica (σ_p^2)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

em que: σ^2_{α} é a variância genética aditiva; σ^2_e é a variância residual.

Deste modo foi considerado o modelo animal, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita (REML), para obter os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos das características entre as três regiões através do software VCE6 (GROENEVELD, 2008). Posteriormente os valores genéticos foram obtidos pelo software PEST (GROENVOLD, 2009). Posteriormente, os valores genéticos e classificação dos touros foram submetidos às correlações de Pearson e Spearman, respectivamente, através do procedimento CORR (SAS, 2009). Para os touros foi verificado os animais coincidentes entre R1, R2 e R3, ao serem selecionados 10% dos touros de maior PTA (habilidade de transmissão prevista) para cada característica em cada região, baseando-se na metodologia aplicada por Pedrosa et al. (2014).

1.4. REFERÊNCIAS

- ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- ANUALPEC. Agrianual on line: pecuária de leite. 2015. Disponível em: <http://www.anualpec.com.br/secao>. Acesso em: 15/11/2015.
- ARAÚJO, C. V. et al. Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça pardo suíço, utilizando-se inferência Bayesiana. **Acta Scientiarum Animal Sciences**. V,31, n.2, p. 205-211, 2009.
- ASBIA. Associação Brasileira de Inseminação Artificial. INDEX ASBIA – Importação, exportação e comercialização de sêmen. 2011. Disponível em: <http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2011.pdf>. Acessado em: 07/01/2016.
- BLANCO, M. A.; GASQUE, R. Razas de ganado bovino lechero. In: M.A. Blanco & R. Gasque (Ed.). **Zootecnia en bovinos productores de leche**. Mexico: Universidad Nacional Autónoma de Mexico, p. 52-64, 2001.
- BOHLOULI, M. et al. Interaction between genotype and geographical region for milk production traits of Iranian Holstein dairy cattle. **Livestock Science**, 169, 1–9, 2014.
- BOLIGON, A. A. et al. Herdabilidade e Tendência Genética para as Produções de Leite e de Gordura em Rebanhos da Raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p.1512-1518, 2005.
- BOURDON, R. M. Understand Animal Breeding. 2.ed. Colorado State University. Prentice Hall, **Upper Saddle River**, NJ, 538 p, 2000.
- BRASIL, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasil projeções do agronegócio 2016/2017 a 2026/2027. 2017. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/assuntos/politica-agricola/todas-publicacoes-de-politica-agricola/projecoes-do-agronegocio/projecoes-do-agronegocio-2017-a-2027-versao-preliminar-25-07-17.pdf>. Acesso em: 17/08/2017.
- CARDOSO, V. L. et al. Breeding goals and economic values for pasture based milk production systems in the southeast region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, p. 320-327, 2004.
- CERÓN-MUÑOZ, M. F. et al. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brasil and Colombia. **Journal of Dairy Science**, Vol. 87, n. 8, 2004.
- DERAL, Departamento de Economia Rural. LEITE - Análise da conjuntura agropecuária Ano 2015/2016. Disponível em: http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/2016/bovinocultura_de_leite_2016.pdf. Acesso em: 03/06/2017.

EMBRAPA. Sumário Nacional de Touros da Raça Holandesa. Juiz de Fora : Embrapa Gado de Leite, 2011.

FALCÃO, A. J. S. et al. Interação genótipo- Interação genótipo-ambiente na produção de leite de vacas da raça ambiente na produção de leite de vacas da raça Holandesa Holandesa. **Acta Scientiarum Animal Science**, Maringá, v. 30, n. 2, p. 225-231, 2008.

FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v. 86, p.293-298, 1952.

FALCONER, D. S. An introduction to quantitative genetics. **4th ed. Longman**. New York, 1996.

FULKERSON, W. J. et al. Holstein-Friesian dairy cows under a predominantly grazing system: Interaction between genotype and environment. **Journal of Dairy Science**, Vol. 91, n. 2, 2008

GERBER, A. et al. Analysis of genotype by environment interaction for milk yield traits in first lactation of Simmental cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, p.382–389, 2008.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. VCE User`s guide and reference manual. **Version 6.0**. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. PEST2 User`s guide and reference manual. **Version 2.0**. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2009.

HAMMAMI, H. et al. Environment sensitivity for milk yield in Luxembourg and Tunisian holsteins by herd management level. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, 2009.

HAMROUNI, A.; DJEMALI, M.; BEDHIAF, S. Interaction between genotype and geographic region for milk production traits in Tunisian holstein cattle. **International Journal of Farming and Allied Sciences**, v. 3 (6): 623-628, 2014.

HAYES, B. J. et al. Genotype × Environment Interaction for Milk Production of Daughters of Australian Dairy Sires from Test-Day Records. **Journal of Dairy Science**, Vol. 86, No. 11, 2003.

HORST, J. A. Manual de Operações de Campo. **Curitiba: Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná - APCBRH**, 2008.

HORST, J. A. Manual de Coleta de Amostras: Componentes e CCS. **Curitiba: Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná-APCBRH**, 2010.

HURTADO-LUGO, N. et al. Buffalo milk production in Brazil and Colombia: Genotype by environment interaction. **Livestock Research for Rural Development**. V. 23, n. 146, 2011.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção da pecuária municipal. Produção da Pecuária Municipal, v. 40, p. 1-71, 2012.

KEARNEY, J. F. et al. Genotype x Environment Interaction for Grazing Versus Confinement. I. Production Traits. **Journal of Dairy Science**, v.87, p. 501–509, 2004.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Plano mais pecuária / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Assessoria de Gestão Estratégica. – Brasília : MAPA/ACS, 2014.

MONTALDO, H. H. et al. Genotype-environment interaction between Chile and North America and between Chilean herd environmental categories for milk yield traits in Black and White cattle. **Animal Science Papers and Reports**, v. 33, n. 1, p. 23-33, 2015.

MUKHERJEE T.K. et al. Sire-location interactions from progeny tests in different countries. **British Poultry Science**. v. 21, p. 123-129, 1980.

MULDER, H. A.; BIJMA, P. Effects of genotype x environment interaction on genetic gain in breeding programs. **Journal of Animal Science**, v. 83, n. 1, p. 49 – 61, 2005.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A. Raças e cruzamentos para produção de leite no sul do Brasil. In: **Anais do V Sul Leite**. Maringá-Paraná, 2012.

NAUTA, W. J. et al. Genotype by environment interaction for milk production traits between organic and conventional dairy cattle production in the Netherlands. **Journal of Dairy Science**, v. 89, p. 2729–2737, 2006.

NORBERG, E. et al. Short communication: Heterosis by environment and genotype by environment interactions for protein yield in Danish Jerseys. **Journal of Dairy Science**, v.97, p. 4557–4561, 2014.

PAULA, M. C. et al. Interação genótipo × ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.

PEDROSA, V. B. et al. Use of weaning management group as a random effect for a more robust estimation of genetic parameters for post-weaning traits in Nellore cattle. **Genetic Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 7013-7021, 2014.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 6ª ed. Belo Horizonte: **FEPMVZ editora**, 2012.

PRENDIVILLE, R.; PIERCE, K. M.; BUCKLEY, F. An evaluation of production efficiencies among lactating Holstein-Friesian, Jersey, and Jersey × Holstein-Friesian cows at pasture. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 12, 2009.

RAMIREZ-VALVERDE, R. et al. Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. **Animal**, v. 4, n.12, p.1971–1975, 2010.

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

RODRIGUES, J. L.; RODRIGUES, B. A. Evolução da biotecnologia da reprodução no Brasil e seu papel no melhoramento genético. **Revista Ceres**, v. 56, n. 4, p. 428-436, 2009.

RORATO, P. R. N. et al. Interação genótipo-ambiente para a produção de leite em rebanhos da raça holandesa no Brasil. 2. Uso de um modelo animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29, n.6, p. 2030-2035, 2000.

SANTANA JUNIOR, M. L. et al. Genotype by environment interaction for birth and weaning weights of composite beef cattle in different regions of Brazil. **Livestock Science**, v. 149, p. 242 -249, 2012.

SAS - Statistical Analysis System. **User's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, 2009. (CD-ROM).

SAVAR SOFLA, S.; TAHERI DEZFULI, B.; MIRZAEI, F. Interaction between genotype and climates for Holstein milk production traits in Iran. **African Journal of Biotechnology**. Vol. 10 , n.55 , p. 11582-11587, 2011.

SBRISSIA, G. F. Sistema agroindustrial do leite: custos de transferências e preços locais. **Dissertação (mestrado)** – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2005.

SEAB. Secretária da Agricultura e Abastecimento. Caracterização da bovinocultura de leite no Paraná. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/cultura3.pdf>, 2000. Acesso em: 10/11/2015.

SILVA, M. V. G. B. et al.; Melhoramento genético de Leite. In: PEREIRA, J. C. C. : **Melhoramento Genético Aplicado a Produção Animal**. 6.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, Cap. 15. p.392-321, 2012.

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

TIEZZI, F. et al. Accounting for genotype by environment interaction in genomic predictions for US Holstein dairy cattle. **Interbull Bulletin**, 2015.

TSIOKOS, D. et al. Genotype x Environment interaction in the Greek Holstein population. **Interbull Bulletin**, n. 40, p. 296-298, 2009.

TSURUTA, S. et al. Genotype by environment interactions on culling rates and 305-day milk yield of Holstein cows in 3 US regions. **Journal of Dairy Science**, v.98, n.8, p. 5796–5805, 2015.

USDA, United States Department of Agriculture. Brazil: Dairy and products annual. 2014. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/brazil-dairy-and-products-annual-1>. Acesso em: 05/11/2015.

YAEGHOOBI, R. et al. Genotype by environmental interactions for milk and fat production across western provinces of Iran. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.8, n.11, p. 2110-2114, 2009.

VALENCIA, M.; MONTALDO, H. H.; RUÍZ, F. Interaction between genotype and geographic region for milk production in mexican holstein cattle. **Archivos de Zootecnia**, v. 57, n.220, p. 457-463, 2008.

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

ZWALD, N. R. et al. 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.

2. CAPÍTULO II

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS NA RAÇA HOLANDESA

2.1. INTRODUÇÃO

A inseminação artificial propiciou uma grande disseminação de genótipos com elevado potencial produtivo por várias regiões do mundo. Entretanto, os mesmos podem responder de forma diferenciada de acordo com o ambiente nos quais são introduzidos. Isto pode estar associado a ausência de adaptação deste genótipo ao ambiente no qual está inserido, o que fará com que a expressão de tal genótipo seja afetada e, desta forma, não caracterize seu máximo potencial produtivo. Este efeito é amplamente conhecido por interação genótipo x ambiente (IGA).

Características quantitativas são controladas por vários genes e possuem maior probabilidade de sofrerem com efeitos ambientais. Entre estas, podemos destacar algumas que possuem grande influência dentro do sistema de produção leiteiro, como a própria produção de leite, a produção de gordura no leite e produção de proteína no leite. As principais consequências que a interação genótipo x ambiente causa sobre as referidas características seriam alterações sobre parâmetros genéticos, como a herdabilidade (ZWALD et al., 2003; STREIT et al., 2012). Adicionalmente, a reclassificação do valor genético ou alterações nas diferenças dos valores genéticos entre animais podem ser observadas.

A raça Holandesa foi selecionada durante muito tempo sob países com clima temperado, e ainda grande porcentagem do sêmen utilizado no Brasil é proveniente destes, como Estados Unidos, Canadá e Holanda (MONTALDO et al. 2015). Apesar de ser um genótipo altamente produtivo, seus níveis ainda estão bastante aquém nas regiões brasileiras, atingindo médias de 1,28 toneladas de leite/vaca/ano (MUNIZ & QUEIROZ, 2012). Uma das principais razões é o pequeno incremento genético que estes rebanhos estão sujeitos. Conhecer os fatores determinantes para predispor os mesmos em programas de seleção eficientes é indispensável determinando a relevância do estudo da IGA em rebanhos leiteiros.

Vários trabalhos já detalharam haver o efeito de fatores ambientais na expressão de características em bovinos de leite tais como diferenças climáticas, sistemas de produção, temperatura, humidade (HAYES et al., 2003; KEARNEY et al., 2004; VALENCIA et al., 2008). O estado do Paraná é caracterizado por apresentar certa diversidade climática, com regiões localizadas sobre o clima temperado e outras sobre o subtropical (DERAL, 2010).

Deste modo algum efeito resultante desta diferenciação climática dentro do estado, pode influir significativamente sobre características de interesse. Ainda mais, resultados sobre a existência da IGA na raça Holandesa são escassos, a até mesmo inexistente, como é o caso da produção de gordura e proteína no leite no Estado. Assim, o objetivo do presente estudo foi determinar o efeito da interação genótipo x ambiente sobre a produção de leite, produção de gordura e proteína no leite em rebanhos da raça Holandesa do estado do Paraná.

Com isso, este trabalho teve como objetivos: (i) estimar as variâncias genética aditivas, residuais e fenotípicas para produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite da raça holandesa em diferentes regiões climáticas do Paraná; (ii) estimar as herdabilidades para produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite da raça holandesa em diferentes regiões climáticas do Paraná; (iii) estimar as correlações genéticas para produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite da raça holandesa entre as diferentes regiões climáticas do Paraná para se avaliar a existência ou não da interação genótipo x ambiente; (v) estimar as PTA's para produção de leite, produção de gordura no leite e produção de proteína no leite da raça holandesa em cada região climática do Paraná e estimar as correlações de Pearson, Sperman e a porcentagem de animais coincidentes.

2.2. MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizados neste estudo dados de registros de aproximadamente 57.967 vacas primíparas pertencentes ao banco de dados da Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa – APCBRH. Os mesmos foram obtidos entre os períodos de 1990 a 2015 e mensurados através do controle leiteiro.

As amostras de leite foram coletadas mensalmente, por técnicos da própria associação, com intervalos regulares entre controles consecutivos, admitindo intervalos limites, mínimo de 15 e máximo de 45 dias, sendo que a primeira coleta não ocorreu até o quinto e após o sexagésimo dia pós-parto. Os procedimentos realizados foram de acordo com os recomendados pelos manuais de Operações de Campo (Horst, 2008) e de Coleta de Amostras (Horst, 2010) do Laboratório de Análise da Qualidade do Leite do Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná da Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa. Foi coletada a produção de leite, produzida no intervalo de 24 horas de acordo com os horários habituais das ordenhas, delimitadas por três ou quatro, considerando a primeira como de esgotamento. A pesagem ou a medição do volume do leite foi realizada individualmente por animal e ordenha, de acordo com o sistema de ordenha da propriedade. As amostras de leite para análise de seus componentes foi homogeneizada e envasada em frascos, devidamente identificadas e encaminhadas ao Laboratório Centralizado de Análise de Leite do Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná, em Curitiba – PR, o qual utilizou o equipamento Bentley NexGen da Bentley Instruments® que inclui o módulo Bentley FTS (Espectrômetro por Transformada de Fourier) para a quantificação da gordura e da proteína do leite.

Para a formação dos arquivos de dados, foram consideradas, em quilogramas, as características de produção de leite (PL), produção de gordura (PG) e produção de proteína (PP). As lactações foram corrigidas para 305 dias, admitindo animais de no mínimo 60 e máximo de 500 dias em lactação. Ainda, foram eliminados dados de vacas com idade ao parto menor que 18 ou maior que 48 meses e dados de produção de leite menores que 500 kg e percentual de gordura e proteína acima de 5,5% e 5%, respectivamente.

O sistema de determinação dos grupos de contemporâneos (GC) teve por base a classificação dos indivíduos pertencentes ao mesmo ano de nascimento e fazenda. Os dados foram editados para eliminar registros que apresentassem erros, informações incompletas, animais filhos de pais desconhecidos, progênies de touros que só apareciam em um rebanho e grupos de contemporâneo com menos de 3 animais. As diferentes regiões consideradas foram

divididas conforme a classificação climática disponibilizada pela SEAB (2000), em R1) Clima mesotérmico úmido e super úmido (sem estação seca, com inverno rigoroso, geadas severas e frequentes; verões chuvosos e amenos; relevo acidentado e solos com baixa fertilidade natural; altitudes superiores a 850–900 metros; características predominantes na região sul); R2) Clima mesotérmico sem estação seca (inverno rigoroso com média incidência de chuvas e ocorrência de geadas; verões chuvosos e temperatura elevada; relevo plano, pequenas ondulações, solos de alta fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850–900 metros; características predominantes na região oeste) e R3) Clima mesotérmico com estação seca (verões quentes e baixa incidência de geadas; relevo praticamente plano, com suaves ondulações, colinas de topos aplainados; solos de boa fertilidade natural; altitude normalmente inferior a 850 – 900 metros; características predominantes da região norte). Cabe ressaltar que o R4) clima tropical super úmido não foi considerado no presente trabalho, por não apresentar número suficiente de rebanhos.



Fonte: Adaptado de SEAB (2000).

Figura 1 - Distribuição climática do estado do Paraná, dividida em R1) clima mesotérmico úmido e super úmido; R2) clima mesotérmico sem estação seca e R3) clima mesotérmico com estação seca e R4) clima tropical super úmido.

Foram realizadas análises que consideraram a interação genótipo x ambiente e análises que a desconsideraram. Nas análises que desconsideraram a interação genótipo x ambiente, os rebanhos foram avaliados por meio de análises de características únicas. Este tipo de análise foi realizado para as três regiões individualmente (R1, R2 e R3) e também para o conjunto formado pelas três regiões juntas (R1+R2+R3), em apenas 1 análise completa. No caso das avaliações que consideram a interação genótipo x ambiente, foram realizadas análises do tipo multicaracterística, considerando-se a mesma característica em cada região como características distintas. Assim, o modelo utilizado pelas análises conjuntas da característica nas três regiões foi o mesmo utilizado nas análises de característica única, mas considerando a

distribuição multivariada e a diversidade entre as três regiões no que se refere às variâncias residuais e genéticas. A conectividade entre os rebanhos foi garantida por touros de conexão, mantendo-se apenas, aqueles com pelo menos uma filha simultaneamente em ao menos duas das três regiões. Em formato matricial, o modelo foi representado por:

$$y = Xb + Za + e$$

em que, y = vetor da característica analisada; b = vetor de soluções para os efeitos fixos contendo grupo contemporâneo e a covariável de idade ao parto; a = vetor de soluções para o efeito aleatório genético aditivo; X e Z = matrizes de incidência para os efeitos fixos, genético aditivo, respectivamente; e = vetor de resíduos aleatórios. Para análise multicaracterística, considerando a análise conjunta das diferentes regiões, o modelo matricial foi descrito como segue:

$$Y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

em que y_1 é o vetor de observações de PL, PG e PP em R1, y_2 o vetor de observações de PL, PG e PP em R2 e y_3 o vetor de observações de PL, PG e PP em R3, respectivamente; X_1 , X_2 e X_3 , as matrizes de incidência dos efeitos fixos, contidas nos vetores β_1 , β_2 e β_3 , respectivamente; Z_1 , Z_2 e Z_3 , as matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos, contidas nos vetores a_1 , a_2 e a_3 , respectivamente; e_1 , e_2 e e_3 , os vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores y_1 , y_2 e y_3 ; 1, 2 e 3, as regiões R1, R2 e R3, respectivamente.

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

onde, as matrizes G e R foram definidas como $G = G_0 \otimes A$ e $R = R_0 \otimes I$ respectivamente, em que G_0 = matriz de covariância genética aditiva das três regiões e R_0 = matriz residual para as três regiões onde o animal será observado, determinada respectivamente por:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_1 a_3} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2 a_3} \\ \sigma_{a_3 a_1} & \sigma_{a_3 a_2} & \sigma_{a_3}^2 \end{bmatrix}$$

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_1 e_3} \\ \sigma_{e_2 e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \sigma_{e_2 e_3} \\ \sigma_{e_3 e_1} & \sigma_{e_3 e_2} & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix}$$

em que $\sigma_{a_i}^2$ e $\sigma_{e_i}^2$ = variância genética aditiva e residual, respectivamente, das i regiões; e $\sigma_{a_i a_j}$ = covariância genética entre as regiões i e j (i e j = 1, 2 e 3, respectivamente). A existência ou não de interação genótipo $\times$ ambiente foi avaliada por meio das correlações genéticas entre as regiões, como descrito por Falconer (1952).

O coeficiente de herdabilidade (h^2) foi estimado para cada característica pela razão entre a variância genética aditiva (σ_a^2) e a variância fenotípica (σ_p^2)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

em que: σ_a^2 é a variância genética aditiva; σ_e^2 é a variância residual.

Deste modo foi considerado o modelo animal, utilizando o método de máxima verossimilhança restrita (REML), para obter os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos das características entre as três regiões através do software VCE6 (GROENEVELD, 2008). Posteriormente os valores genéticos foram obtidos pelo software PEST (GROENEVELD, 2009). Adicionalmente, os valores genéticos e classificação dos touros foram submetidos às correlações de Pearson e Spearman, respectivamente, através do procedimento CORR (SAS, 2009). Para os touros foi verificado os animais coincidentes entre R1, R2 e R3, ao serem selecionados 10% dos touros de maior PTA (habilidade de transmissão prevista) para cada característica em cada região, baseando-se na metodologia aplicada por Pedrosa et al. (2014).

2.3. RESULTADOS

Os resultados da estatística descritiva para a produção de leite, produção de gordura e produção de proteína para R1, R2 e R3 são mostradas na tabela 1.

Tabela 1 - Estatística descritiva dos dados de primeira lactação para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3.

	Característica	N	Rebanhos	Mínimo	Máximo	Média	D.P.
PL	R1	41805	357	613,16	18583,00	8910,25	2051,44
	R2	14701	188	856,46	16257,00	8421,90	1960,04
	R3	1461	75	1126,00	12601,00	7203,18	1930,42
PG	R1	41783	357	10,02	682,10	295,61	72,84
	R2	14735	188	16,21	704,84	278,31	71,30
	R3	1468	75	42,88	477,23	242,34	71,36
PP	R1	41776	357	10,73	543,96	270,76	61,19
	R2	14735	188	12,47	532,97	261,01	60,16
	R3	1468	75	32,03	426,20	220,37	59,11

D.P.: Desvio-padrão

Ao total foram analisadas 57.967 vacas de primeira lactação para PL, distribuídas pelas três regiões. Na R1 foram analisados 41.805 animais, enquanto em R2 e R3 foram 14.701 e 1.461 animais, respectivamente. Para PG, 57.986 lactações de vacas primíparas foram avaliadas, sendo 41.783 da R1, 14.735 da R2 e 1.468 da R3. Para PP, foram analisadas 41.776 vacas na R1, 14.735 na R2 e 1.468 na R3, totalizando 57.979 vacas primíparas.

De acordo com o que se observou para PL as medias foram 488,35 kg e 1707,07 kg menores em R2 e R3, em relação à R1, respectivamente. Para PG, a R1 apresentou superioridade de 17,3 kg em relação a R2 e 53,24 kg em relação a R3. Já para PP as médias R2 e R3 foram 9,75 kg e 50,39 kg menores, respectivamente, em relação à R1.

As variâncias genética aditiva, residual e fenotípica para as características avaliadas estão demonstradas na tabela 2.

Tabela 2 - Variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e variância fenotípica (σ_p^2) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3.

		σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2
PL	R1	555716,51	2043254,33	2598970,84
	R2	504443,32	1929089,12	2433532,44
	R3	368608,08	1952364,42	2320972,50
PG	R1	786,91	2386,74	3173,65
	R2	792,87	2345,70	3138,56
	R3	480,05	2363,86	2843,91
PP	R1	380,47	1850,11	2230,58
	R2	363,63	1838,68	2202,31
	R3	211,02	1872,70	2083,71

A variância genética aditiva para PL em R1 foi 10,16% e 50,76% maior que o obtido para R2 e R3, respectivamente. Já com relação à variância residual, R1 se demonstrou 5,92% e 4,65% superior a R2 e R3, respectivamente. A variância fenotípica foi 6,80% e 11,98% superior em R1 em relação a R2 e R3, respectivamente.

Para PG, R2 apresentou a maior variância genética aditiva, sendo 0,76% maior que R1 e 65,16% maior que R3. Quando se avaliou a variância residual os valores foram 0,97% e 1,75% maiores em R1, em relação à R2 e R3, respectivamente. Para variância fenotípica, R1 foi 1,12% e 11,59% superior em relação a R2 e R3, respectivamente.

A maior variância aditiva para PP foi verificada para R1, com uma superioridade de 4,63% no contraste com R2, e 80,30% com R3. Já para a variância residual, a R3 foi superior, com 1,22% em relação a R1 e 1,85% a R2. R1 se mostrou 1,28% e 7,05% maior relação a R2 e R3, respectivamente, para variância fenotípica para produção de proteína no leite.

As herdabilidades em cada região e as correlações genéticas entre cada região, para as três características, estão apresentadas na tabela 3.

Tabela 3 - Herdabilidades (na diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) para R1, R2 e R3.

		R1	R2	R3
PL	R1	0,21	0,93	0,99
	R2	-	0,21	0,97
	R3	-	-	0,16
PG	R1	0,25	0,93	0,94
	R2	-	0,25	0,99
	R3	-	-	0,17
PP	R1	0,17	0,91	0,99
	R2	-	0,16	0,93
	R3	-	-	0,10

A R2 mostrou herdabilidade igual para PL em relação à R1. Os valores foram de 0,21 para R1 e R2 e 0,16 para R3. O mesmo ocorreu para PG, onde R1 e R2 foram semelhantes, com valor de herdabilidade igual a 0,25 e R3 igual a 0,17. A PP possuiu herdabilidade menor com relação às outras características, sendo R3, R2 e R1 iguais a 0,10, 0,16 e 0,17, respectivamente.

Para as três características e entre todas as regiões avaliadas as correlações genéticas foram elevadas. Para PL as correlações genéticas foram de 0,97 entre R2xR3, 0,99 entre R1xR3 e 0,93 entre R1xR2. As correlações para PG entre R2xR3, R1xR3 e R1xR2 foram de 0,99, 0,94 e 0,93, respectivamente. Já para PP as correlações foram de 0,93 entre R2xR3, 0,99 entre R1xR3 e 0,91 entre R1xR2.

As correlações de Pearson para as características entre as regiões estão apresentadas na tabela 4. Verificou-se que para as 3 três características entre as regiões todas obtiveram valores próximos de 1. No caso de PL, a maior correlação de Pearson foi entre as regiões R1xR3 (1,00), sendo seguida por R2xR3 (0,99) e R1xR2 (0,99). Já para PG a sequência foi R2xR3 (1,00), R1xR3 (0,99) e R1xR2 (0,98). Para PP os valores das correlações foram 1,00, 0,99 e 0,98 para R2xR3, R1xR3 e R1xR2, respectivamente.

A correlação de Spearman entre as classificações dos touros também apresentaram valores elevados. Para PL os valores foram de 1,00, 0,99 e 0,99 para R1xR3, R2xR3 e R1xR2, respectivamente. Em relação à PG, as regiões R2xR3 com correlação de 1,00 foi semelhante a R1xR3 com 0,99 e R1xR2 com 0,98. Para PP, R1xR3 com 1,00 foi seguida por R2xR3 com 0,99 e R1xR2 com 0,98.

Tabela 4 - Correlações de Pearson (acima da diagonal) e correlações de Spearman (abaixo da diagonal) para produção de leite (PL), produção de gordura no leite (PG) e produção de proteína no leite (PP) entre R1, R2 e R3.

		R1	R2	R3
PL	R1	-	0,99	1,00
	R2	0,99	-	0,99
	R3	1,00	0,99	-
PG	R1	-	0,98	0,99
	R2	0,98	-	1,00
	R3	0,99	1,00	-
PP	R1	-	0,98	1,00
	R2	0,98	-	0,99
	R3	1,00	0,99	-

Nas figuras 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10 estão as dispersões das PTA's para as três características nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamento dos 10% melhores touros. Esta dispersão foi realizada para se tentar identificar os erros de seleção entre as regiões estudadas. Para PL as PTA's que definiram o ponto de truncamento foi 385,44, 363,32 e 316,17 para R1, R2 e R3, respectivamente. Para PG os pontos foram 14,40 para R1, 13,99 para R2 e 11,04 para R3. A PP apresentou ponto de truncamento das PTA's dos touros de 10,23 para R1, 9,51 para R2 e 7,67 para R3.

Através das dispersões da PTA's foi determinada a proporção de animais coincidentes (PC) entre as regiões para as características. Quando se avaliou a proporção de animais coincidentes para PL, valores de 98,82% foram obtidos entre R2xR3, 99,12% entre R1xR3 e 97,93% entre R1xR2. Para PG a PC foi de 99,8%, 97,84% e 97,54% para R2xR3, R1xR3 e R1xR2, respectivamente. Já para PP as proporções foram de 97,45% para R2xR3, 99,41% para R1xR3 e 96,85% para R1xR2.

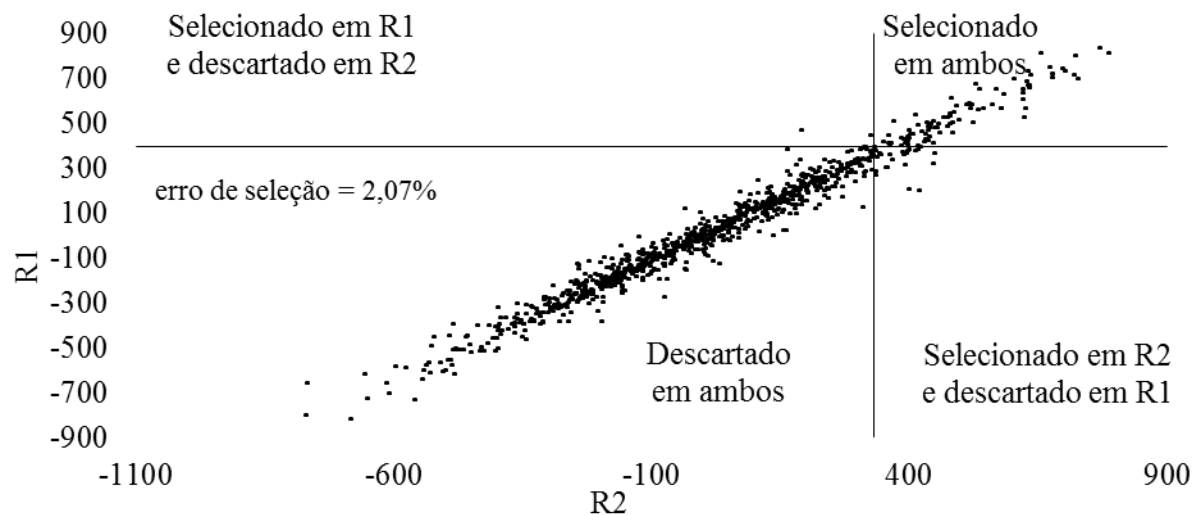


Figura 2 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 385,44$) e R2 (PTA $\geq 363,32$).

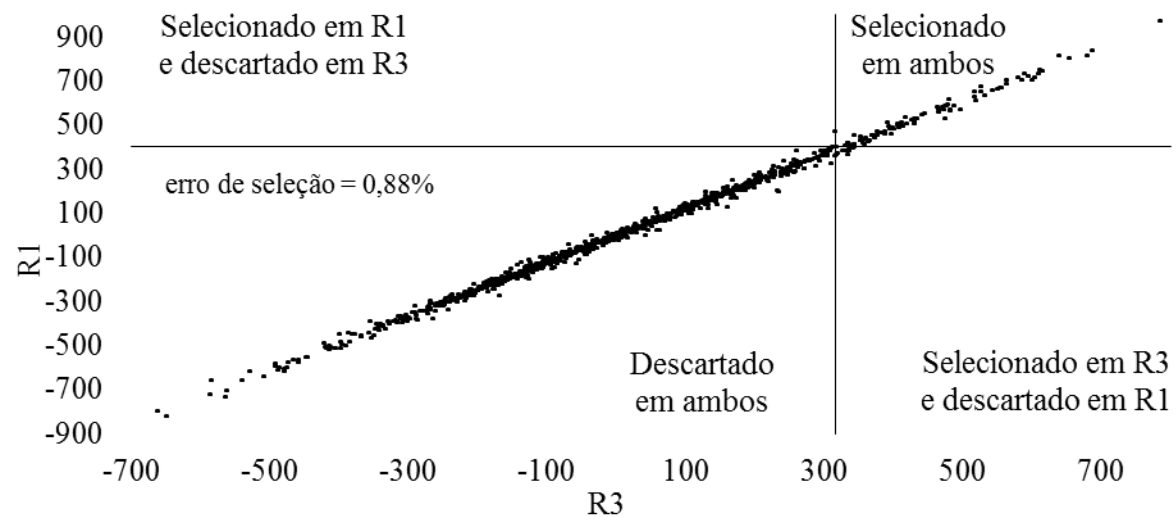


Figura 3 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 385,44$) e R3 (PTA $\geq 316,17$).

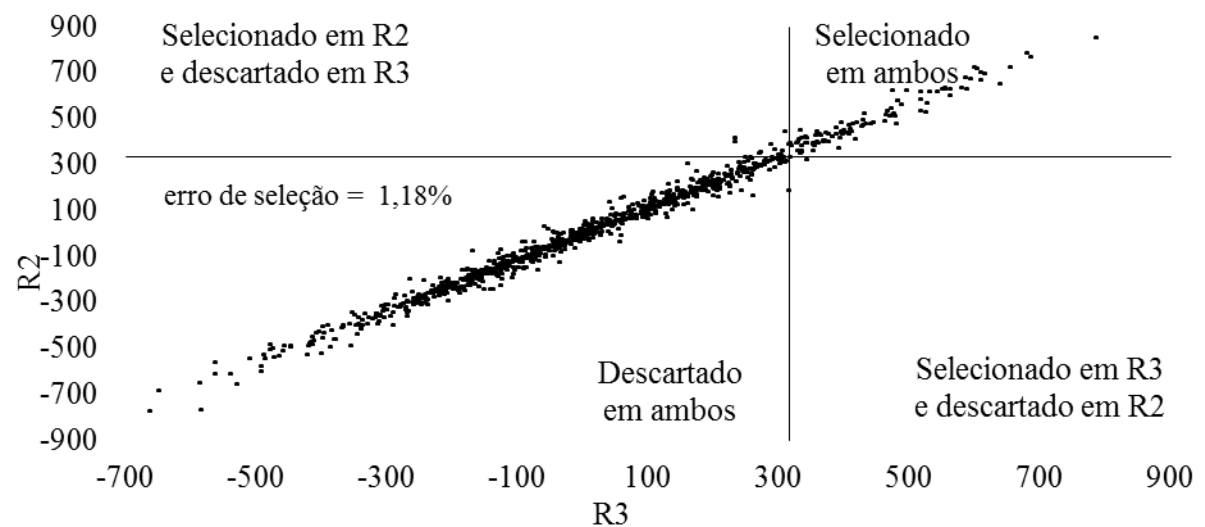


Figura 4 - Dispersões das PTA's para produção de leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 363,32$) e R3 (PTA $\geq 316,17$).

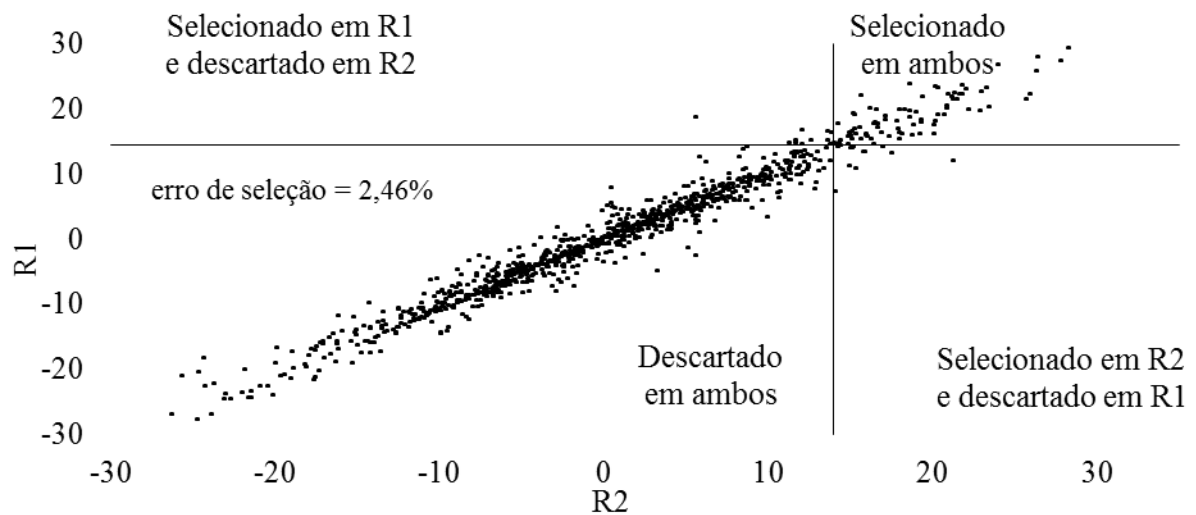


Figura 5 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 14,40$) e R2 (PTA $\geq 13,99$).

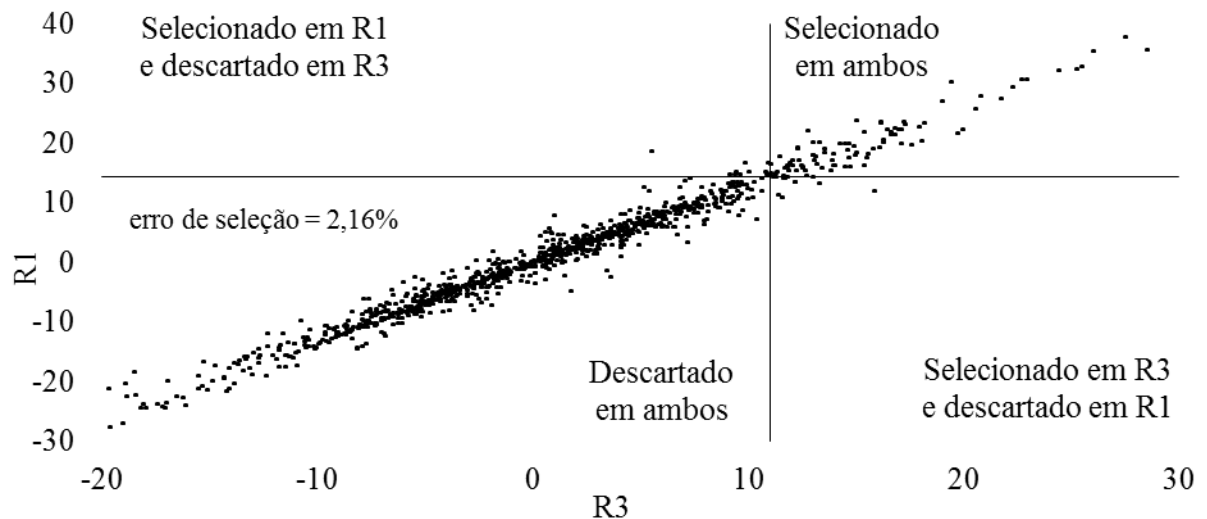


Figura 6 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 14,40$) R3 (PTA $\geq 11,04$).

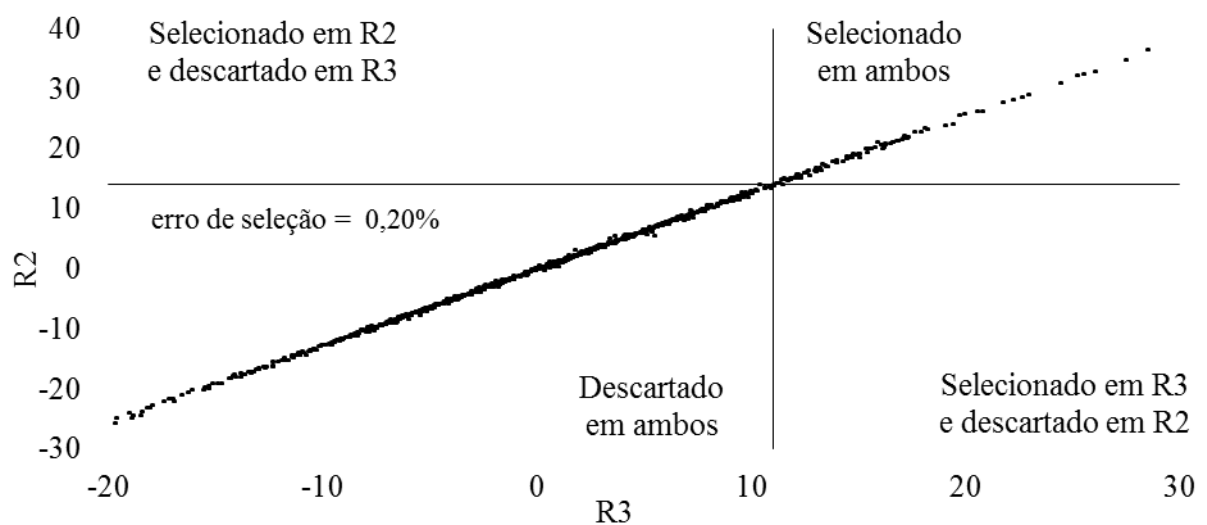


Figura 7 - Dispersões das PTA's para produção de gordura no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 13,99$) e R3 (PTA $\geq 11,04$).

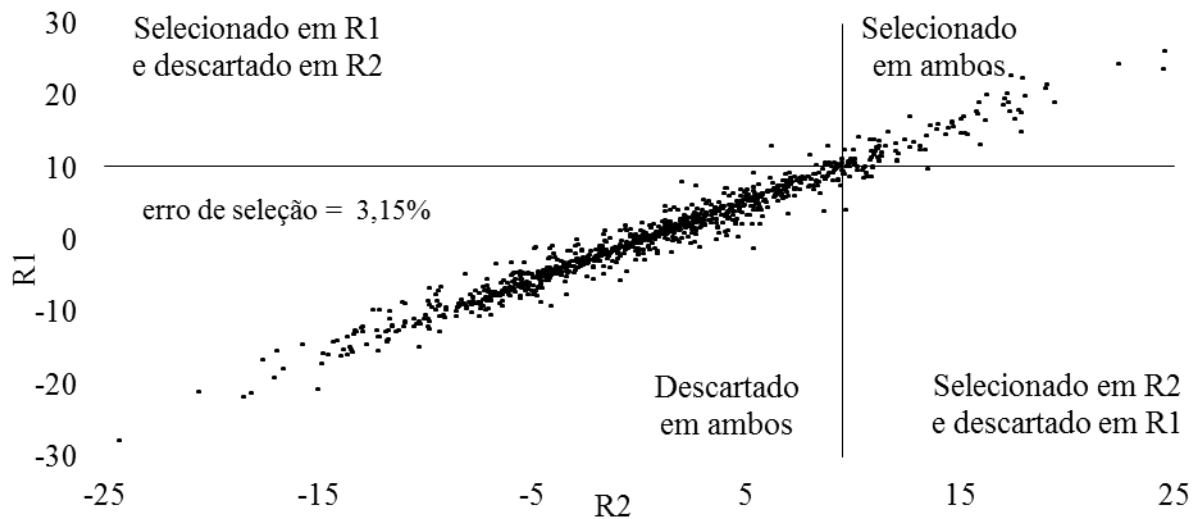


Figura 8 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 10,23$) e R2 (PTA $\geq 9,51$).

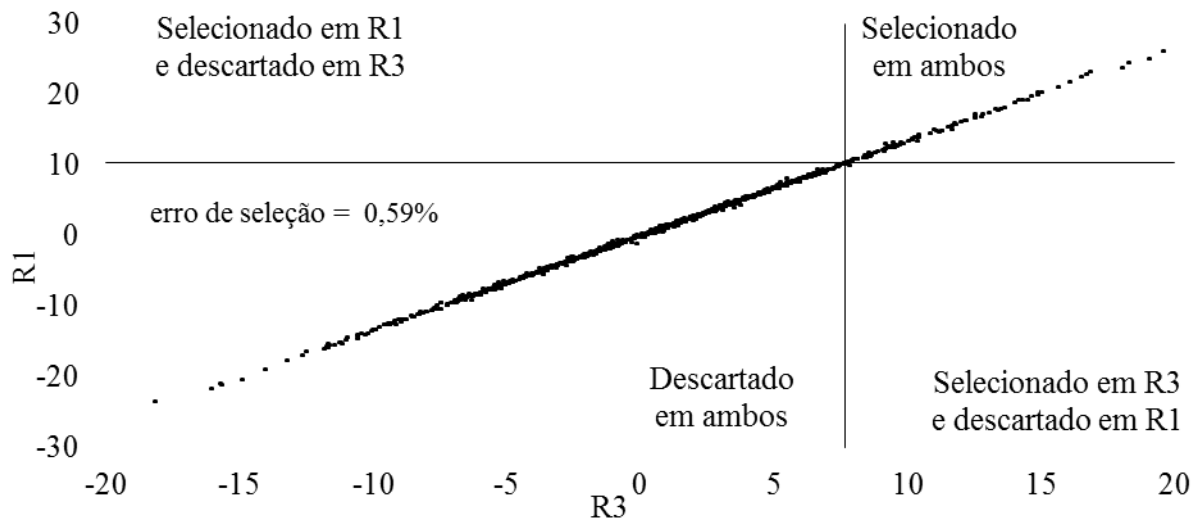


Figura 9 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R1 (PTA $\geq 10,23$) e R3 (PTA $\geq 7,67$).

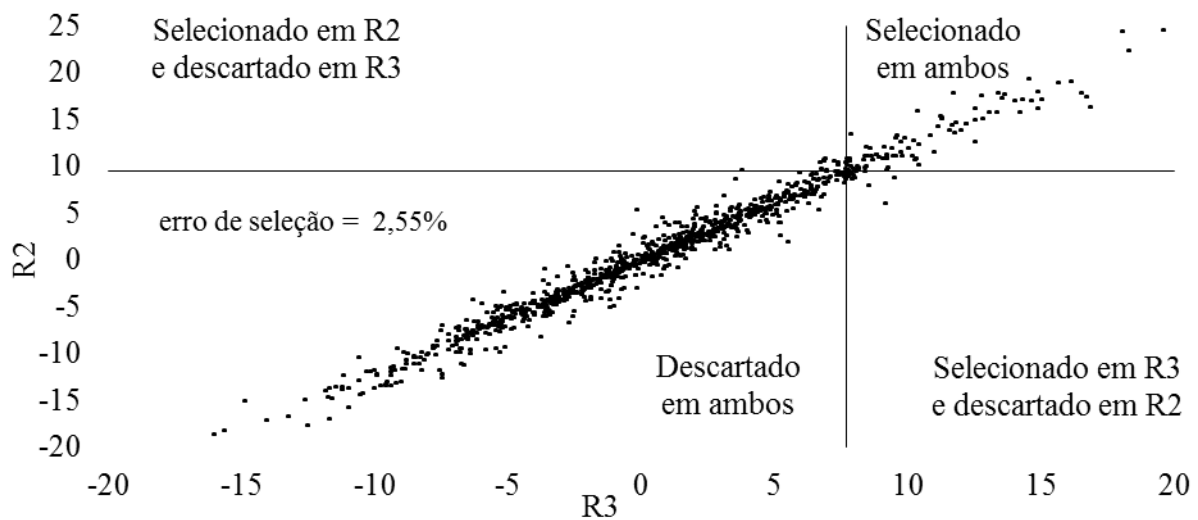


Figura 10 - Dispersões das PTA's para produção de proteína no leite nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 10% melhores touros para R2 (PTA $\geq 9,51$) e R3 (PTA $\geq 7,67$).

2.4. DISCUSSÕES

As médias para PL sugerem uma produtividade diária dos animais de 23,62 kg para R3, 27,61 kg para R2 e 29,21 kg para R1. Tais dados demonstram que a média paranaense é mais expressiva com relação à brasileira, a qual de acordo com IBGE (2015) foi de 4,40 kg/leite/dia. Entretanto é importante ressaltar que o rebanho de vacas leiteiras no Brasil é composto em cerca de 70% do cruzamento Holânde-Zebuino sob sistema de criação semi-intensivo (BORGES et al., 2015). A maior média produtiva da região 1 reforça o fato que os produtores desta região dispõem de melhor tecnologia e animais de genética superior em comparação as demais regiões estudadas. Tal fato foi apresentado por Silva et al., (2008) em que estes destacam o elevado nível tecnológico adotado na região, bem como, a seleção genética estabelecida há mais tempo, não somente em nível regional como nacional. Além do mais, vale salientar que nesta região, os fatores climáticos são propícios à utilização de pastagens de inverno, como aveia e azevem, o que favorece uma maior estabilidade da produção ao longo do ano. Falcão et al. (2008) avaliando 64.815 lactações encontraram produção diária menor em relação ao obtido no presente trabalho, com valor de 20,62 kg/dia. Valores semelhantes foram obtidos para região sul e sudeste do Brasil por Bignardi et al. (2015), os quais relataram valores de 24,25 kg/dia. Na raça Holandesa dos Estados Unidos estes valores foram consideravelmente maiores, como demonstrado por Tsuruta et al. (2015), onde a produtividade diária média foi de 35,71 kg/dia em três regiões estudadas. Bilal et al. (2012) também demonstraram médias maiores (33,73 kg/dia) na raça Holandesa provenientes do Canadá. Este contraste demonstra a grande diferença existente em países mais especializados na produção de leite, aonde os programas de seleção e tecnologias já vêm sendo adotados há bastante tempo. Ainda mais, no Brasil grande parcela dos touros utilizados são importados principalmente de países como Estados Unidos, Canadá e Holanda (MONTALDO et al., 2015; PEDROSA et al., 2015), e isto pode resultar em uma falta de adaptação aos genótipos às condições ambientais, contrário do que ocorre em países com longo histórico de seleção da raça.

Na literatura é bastante evidente a correlação alta e positiva entre a produção de leite e as produções de gordura e proteína no leite (TORRES-VÁZQUEZ et al., 2009; GUO et al., 2010). Isto foi confirmado no presente trabalho, pois a produção de gordura também se mostrou maior em R1 em relação às outras duas regiões. Valores semelhantes foram obtidos por Biassus et al. (2011) com dados da Associação dos Criadores de Gado Holandês de Minas Gerais no período de 1989 a 2008, os quais reportaram médias de 263,9 kg e 221,12 kg para

produção de gordura e proteína, respectivamente. Campos et al. (2015) avaliaram dados de lactação de 18.831 vacas Holandesas de rebanhos brasileiros e também relataram valores de 276,89 kg para produção de gordura e 253,56 kg para produção de proteína no leite. De acordo com Botaro et al. (2013) características de composição do leite, como produção de gordura e proteína vêm adquirindo extrema importância, já que o produtor pode receber bonificações pelas mesmas. Entretanto, de acordo com os autores, aumentos nestas características se dão em longo prazo, já que são dependentes de fatores nutricionais e genéticos. Com dados de rebanho Holandês da França, Huquet et al. (2012) encontraram médias de 387 kg e 313 kg, para produção de gordura e proteína no leite, respectivamente. Também, em estudos realizados nos Estados Unidos, foram encontrados valores de 388,00 kg para produção média de gordura no leite e 337,00 kg para produção média de proteína no leite, por Sun et al. (2014) e Cecchinato et al. (2014). Estes valores demonstram que apesar do Brasil ainda apresentar índices produtivos inferiores a outros países especializados, o estado do Paraná é o que mais se aproxima da produtividade de países de destaque em volume de leite e sólidos. Isto ocorre principalmente pelo fato de que a relevância dada às estas características ocorre a maior tempo, devido a inclusão em bonificação pelos laticínios, a qual no Paraná já vem sendo adotada a algum tempo. Assim, como nos rebanhos estadunidenses, por exemplo, a seleção causou efeito direto nas médias de produções, além de maior adaptação do rebanho ao ambiente, ao contrário do restante do Brasil onde grande porcentagem dos genótipos utilizados é importada.

De acordo com as variâncias obtidas para as três características nas regiões estudadas, assim como esperado, conclui-se que a variância ambiental representa grande parte da variância total sobre estas características, resultando em herdabilidades baixas a moderadas, com destaque para a influência deste efeito especialmente sobre a região 3. Maiores estimativas de variância genética aditiva para as três características foram apresentadas de acordo com as regiões que apresentaram maior produtividade, concordando com resultados obtidos por Montaldo et al. (2015). Neste caso, a seleção elevou a variância genética aditiva nos rebanhos, e como resultado a estimativa de herdabilidade das características a longo prazo.

Os valores de herdabilidade para PL em R1 e R2 foram de moderada magnitude. Estes resultados foram semelhantes aos encontrados por Campos et al. (2015) e Padilha et al. (2016), os quais avaliaram dados de vacas Holandesas provenientes da Associação Brasileira de Criadores da Raça Holandesa (ABCBRH), e encontraram valores de herdabilidade igual à 0,21. Abdalla et al. (2016) avaliaram 11554 vacas Holandesas nos Estados Unidos e

encontraram valores de herdabilidade próximas de 0,31 para produção de leite. Huquet et al. (2012) avaliando rebanhos Holandeses provenientes da França encontrou valores de elevada herdabilidade para a característica, a qual variou de 0,40 a 0,47. Estas maiores herdabilidades verificadas em alguns estudos podem estar relacionadas ao fato de que os referidos rebanhos participam de programas de seleção genética destacados em seus países, formando genótipos adaptados. Além do mais o controle ambiental exercido nestes países é maior, com sistemas de produção mais homogêneos, reduzindo a variância ambiental. A R3 apresentou PL com baixa herdabilidade e em relação às outras regiões e ao descrito na literatura (PAULA et al., 2009; NESER et al., 2014). Esta região apresentou menor variância genética aditiva, como já mencionado, e isto provavelmente se dá ao fato desta conter rebanhos menores e, portanto, com menor capacidade financeiras em investimentos genéticos e tecnológicos, o que muito certamente reflete em menores índices produtivos e seleção genética inferior. R1 e R2 com herdabilidades moderadas apresentam rebanhos nos quais a seleção é realizada há mais tempo em relação a R3, isto pode ser interpretado pela maior produtividade e também pela superior variância genética aditiva, em relação à variância ambiental.

As herdabilidade obtidas para PG foram de moderada magnitude para as regiões R1 (0,25) e R2 (0,25). Nixon et al. (2009) estudaram vacas Holandesas primíparas no Canadá e encontraram valores moderados para h^2 de 0,20. A mesma magnitude foi descrita por Pritchard et al. (2013), os quais relataram valores de 0,26. Resultados semelhantes no Brasil foram obtidos por Campos et al. (2015), os quais demonstraram valor de 0,24 para a raça Holandesa. Contudo, Costa (1999) estudando dados de 117.242 lactações de vacas Holandesas da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) relatou valores de herdabilidade para produção de gordura no leite variando de 0,20 a 0,22. Os resultados para herdabilidade obtidos nas três regiões para produção de proteína no leite concordam com estudos de Bouwer et al. (2013), Tiezzi et al. (2015), Bernabucci et al. (2014) e Campos et al. (2015) (0,16, 0,13, 0,15 e 0,17, respectivamente). Os resultados de 0,17, 0,16 e 0,10 para R1, R2 e R3, respectivamente, demonstram que a PP possui baixa herdabilidade. Isto indica que o fenótipo do animal, para PG é em maior parte influenciada pela genética aditiva do animal, em relação ao ambiental. Sendo que para PP a variância residual apresentou proporções maiores, e devido à isto baixa magnitude de h^2 . Diante destes resultados podemos afirmar que a seleção para produção de gordura no leite tende a apresentar ganhos genéticos maiores em menor número de gerações em contraste a produção de proteína no leite. De acordo com Cardoso et al. (2014) muitos laticínios no Brasil evidenciaram a importância da qualidade do leite (como produção de gordura no leite, produção de proteína no leite, contagem

bacteriológica total e contagem de células somáticas) e conferiram bônus ou penalidade sobre o litro pago para os produtores. Valores moderados de herdabilidade para PP foram descritos por Hayes et al. (2003) na Austrália (0,20) e Huquet et al. (2012) na França (0,32-0,39). Esta diferença entre os valores presentes e os resultados supracitados, são devidos ao fato de que nestes países onde os trabalhos foram realizados, a produção de proteína no leite já vem a algum tempo sendo adotada nos programas de seleção, diferentemente do que ocorre no Brasil. Isto confirma o fato de que a longo prazo a variância genética aditiva tende a incrementar, refletindo diretamente sobre a h^2 .

De acordo com as correlações genéticas aplicadas na avaliação da presença de interação genótipo x ambiente para PL, podemos considerar que as alterações na expressão genótípicas entre R1 e R3 (0,99), devido a diferenças ambientais, são menores em relação ao comparativo dentre as demais regiões ($R2 \times R3 = 0,97$ e $R1 \times R2 = 0,93$). De acordo com Robertson et al. (1959) há existência da interação genótipo x ambiente quando os coeficientes de correlações genéticas são menores do que 0,80. Deste modo não houve presença da interação para PL, devido ao fato de que todas as regiões terem apresentado valores maiores do que o supracitado. Zwald et al. (2003) destacaram que o ambiente pode ser o fator preponderante no impacto exercido na produção, desde que a expressão dos componentes genéticos seja influenciada por fatores como temperatura distinta entre regiões, por exemplo, caracterizando assim, a existência de interação genótipo ambiente entre as diferentes regiões. Entretanto, a ausência de interação entre as regiões demonstra que fatores como temperatura, tamanho do rebanho e influência de material genético advindo do exterior não foram suficientes para exercer alterações relevantes na expressão do fenótipo entre as regiões em questão.

As diferenças de sistema de produção (pasto ou confinado) pode ser outro importante efeito ambiental que supostamente poderá exercer influência na expressão do fenótipo (Ramirez-Valverde et al., 2010). Sabidamente, indivíduos mais produtivos podem apresentar elevados volumes de leite, visto que estes foram expostos a melhores condições nutricionais que outros que, mesmo que possuam maior potencial genético, poderão apresentar níveis produtivos mais baixos. No entanto, este fato não foi evidenciado neste estudo, visto que as três regiões avaliadas possuíam ambos os sistemas de produção de forma bem distribuída dentro de cada região e, portanto, o efeito de fazenda incluído na formação dos grupos de contemporâneo suprimiu as diferenças de sistema entre as regiões. Ainda mais, o bom controle ambiental exercido pela criação dos grupos contemporâneos que, apesar de não diferenciar sistema nutricional em sua composição, exerce controle indireto dentro do

componente rebanho. Cabe ressaltar que cada fazenda adota normalmente apenas um sistema nutricional, sendo este pasto ou confinado e dificilmente os dois em conjunto. Deste modo, no presente estudo, uma possível interação genótipo x ambiente influenciada pela diferenciação do sistema nutricional não causaria efeitos significativos na estimação de valores genéticos e, por consequência no processo de seleção. Resultados semelhantes aos obtido no presente trabalho para produção de leite foram encontrados por Hammami et al. (2009) avaliando três níveis de manejo na raça holandesa na Tunísia, onde as correlações genéticas variaram de 0,97 a 0,98. O mesmo foi encontrado por Pfeiffer et al. (2016) para produção de leite, com correlações de 0,98 entre dois níveis de manejo na Áustria.

De acordo com os resultados de correlações genéticas para PG podemos concluir que não houve efeito significativo da interação genótipo x ambiente, já que seu valor variou de 0,93 a 0,99 entre as regiões. Já é conhecido que a produção de gordura é um dos constituintes de maior instabilidade do leite, ocorrendo devido a uma série de fatores. Entretanto, os resultados mostraram que a alteração devido à genética distinta entre os animais não foi considerável. Montaldo et al. (2015) estudando a interação para produção de gordura no leite entre Canadá, Estados Unidos e Chile e demonstrou que grandes diferenças climáticas e regionais tendem a causar uma significativa interação genótipo x ambiente para a produção de gordura no leite, reafirmando os resultados obtidos. Os sistemas de produção tende a ter grandes influências sobre a produção de gordura no leite, já que a produção de gorda tem relação direta com a base da alimentação dos animais, como exemplo a alta ingestão de pastagens. Recentes estimativas obtidas pela *International Bull Evaluation Service (Interbull)* (INTERBULL, 2013) mostrou haver leve interação entre sistemas a pasto na Nova Zelândia e países com sistemas de produção confinada (0,76-0,78). Entretanto, Kearney et al. (2004) mostrou correlação genética para a produção de gordura no leite entre os sistemas a pasto e confinado igual a 0,88. Fica claro, de acordo com os trabalhos citados, que o contraste entre o sistema a base de pastagens ou confinado, por si só não define diferenças significativas na expressão do genótipo para esta característica. O mesmo ocorreu no presente estudo, onde mesmo havendo certa distinção entre os sistemas produtivos entre as regiões, ficou claro que não houve efeito preponderante sobre a expressão dos genes que caracterizam a produção de gordura no leite.

Houve variações para as correlações genéticas entre as regiões avaliadas, sendo de 0,91 entre R1 e R2 a 0,99 entre R1 e R3, para produção de proteína no leite. Pode ser considerado que a região 1 tende a ter efeitos mais similares à região 3 sobre a expressão da característica, em relação a região 2. Entretanto, de acordo com os resultados, estes valores

não foram passíveis de resultar em uma interação significativa. As alterações sobre a média de precipitação pluvial não possuem efeito significativo sobre a produção de proteína no leite (KOLMODIN et al., 2004). Diferenças na latitude entre regiões avaliadas são descritas na literatura como a principal causa de alterações na temperatura e período do dia (ISMAEL et al., 2016). De acordo com Carabaño et al. (2014) a temperatura pode ser determinante para a influência da interação sobre a produção de proteína no leite. Em seu estudo evidenciou que diferenças de 0°C a 33°C causam alteração na expressão da característica, entretanto quando a amplitude alterou de 10°C a 30°C não houve efeito significativo. Todas as regiões do estado do Paraná estudadas estavam situadas dentro da mesma faixa de latitude (-30° a -20°), e as temperaturas médias anuais do estado variam de 15°C à 25°C entre as regiões (IAPAR, 2000). Estas evidências deixam bastante claro que diferenças na latitude e de temperatura entre as três regiões não foram suficientes para causar uma resposta relevante sobre a resposta da característica. Isto também é válido para as outras características avaliadas (PL e PG), as quais apresentaram correlações bastante próximas de um, como já demonstrado. Nauta et al. (2006) avaliando sistemas convencionais e orgânicos de produção, demonstrou que existe efeito da interação genótipo x ambiente para a produção de proteína no leite devido as quantidades de fornecimento de concentrado aos animais. Os resultados obtidos para PP demonstram que o uso, e o grau de fornecimento de concentrado na dieta dos rebanhos Holandeses entre as regiões do Paraná parecem ser bastante semelhantes sobre a expressão da característica.

No presente estudo, as correlações de Pearson comprovam a veracidade do encontrado pelas correlações genéticas, e nos ajudam a entender a ausência da IGA dentro do estado do Paraná. Os resultados obtidos para PL, PG e PP mostraram haver uma distinção muito pequena entre os valores genéticos dos animais de região para região, pois a correlação de Pearson variou de 0,98 a 1,00 para as características entre as três regiões. Além do mais, a correlação de Spearman para as três características mostrou que a alteração entre as classificações dos touros foi de baixa magnitude entre as regiões. Os valores seguiram o mesmo padrão de Pearson, variando de 0,98 a 1,00. Golshifeh e Karimi (2016) também estimaram resultados que validaram a informação a respeito das correlações de Spearman e Pearson sobre as correlações genéticas. De acordo com Calus et al. (2003) a IGA pode causar uma alteração nas classificações dos animais, a qual denominamos de reclassificação, ou apenas presença de diferenças no valor genético dos animais, sem alterações na classificação, chamada de efeito de escala. Deste modo, o encontrado demonstra que os animais avaliados

no presente estudo, tiveram diferenças pequenas nos valores genéticos entre as regiões, e também com alterações na classificação bastante específicas.

Para melhor ilustrar esta discussão nas tabelas 5, 6 e 7 foram utilizados os 10 melhores touros da R1, ilustrando seus respectivos valores genéticos e classificações, e comparando-os as outras duas regiões para PL, PG e PP, respectivamente. Estes resultados foram utilizados para melhor visualizar e justificar os resultados anteriores, obtidos com as correlações de Pearson e Sperman. Como pode ser verificado houve elevada coincidência entre a classificação dos touros para as características, principalmente entre R3 e R1 para PL, R2 e R1 para PG e R3 e R1 para PP. É relevante ressaltar que mesmo havendo alterações entre a classificação de touros entre algumas regiões, isto ocorreu de forma bastante pontual e que no geral não se traduziria em decréscimo significativo sobre o ganho genético obtido em cada região. A inexistência da IGA, deste modo se reafirma diante destes resultados, ou seja o ambiente não influenciaria a escolha de determinado touro com base em seu valor genético. Esta informação é bastante importante, já que muitas vezes ocorre intercâmbio de animais de rebanhos entre estas regiões, principalmente de R1 para as outras duas. A maior procura de animais desta região ocorre devido aos maiores valores genéticos preditos para R1 em comparação às outras regiões, o que era de se esperar devido à seleção intensa nestes rebanhos que resultou em valores elevados de herdabilidade, fazendo com que o efeito genético contribua com mais intensidade ao fenótipo do animal. Outro ponto a se destacar é a importância do controle leiteiro nas propriedades que reflete em maior eficiência de seleção, já que R1 apresentou a maior quantidade de rebanhos o realizando no presente estudo, seguida por R2 e R3. Esta ferramenta auxilia bastante o produtor no controle da produtividade de seus animais, além de que desde 2014 a APCBRH disponibiliza para estes rebanhos um sumário genético para auxiliar a seleção.

Tabela 5 - Valores genéticos preditos para a produção de leite (PL) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.

Touro	R1		R2		R3	
	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético
1	1	2019,91	1	1811,33	1	1637,89
2	2	1949,93	2	1708,10	2	1569,16
3	3	1680,31	4	1537,63	3	1371,64
4	4	1636,44	3	1570,56	4	1357,45
5	5	1630,87	13	1307,05	6	1276,43
6	6	1612,35	6	1444,79	5	1307,09
7	7	1506,20	12	1342,33	8	1218,86
8	8	1497,06	9	1392,61	7	1228,75
9	9	1470,00	18	1260,78	13	1174,99
10	10	1468,40	8	1401,43	9	1215,73

Tabela 6 - Valores genéticos preditos para a produção de gordura no leite (PG) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.

Touro	R1		R2		R3	
	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético
1	1	75,63	2	69,56	2	55,04
2	2	71,34	1	72,94	1	57,01
3	3	70,67	3	65,94	3	52,07
4	4	65,50	4	65,14	4	51,01
5	5	64,66	5	64,37	5	50,46
6	6	64,42	6	62,13	6	48,87
7	7	61,35	8	57,42	8	45,33
8	8	61,19	7	58,24	7	45,89
9	9	60,43	15	48,12	15	38,81
10	10	58,98	9	56,53	9	44,50

Tabela 7 - Valores genéticos preditos para a produção de proteína no leite (PP) em dez touros comuns as três regiões e classificação em cada região.

Touro	R1		R2		R3	
	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético	Classif.	Valor genético
1	1	55,80	2	51,26	1	41,66
2	2	52,30	3	49,11	2	39,15
3	3	49,93	1	54,16	3	38,12
4	4	49,04	5	44,80	4	36,58
5	5	47,56	4	48,90	5	36,04
6	6	46,50	21	32,61	6	33,68
7	7	45,66	15	34,74	7	33,35
8	8	44,98	10	35,79	8	33,01
9	9	43,36	7	38,01	9	32,19
10	10	42,01	8	37,92	10	31,29

O erro de seleção para produção de leite entre as regiões conforme demonstrado nas figuras 2, 3 e 4 variou de 0,88% a 2,07%, portanto irrelevante. Em outras palavras, uma insignificativa quantidade de touros deveria deixar de ser selecionada em determinada região, quando estes mesmos fossem avaliados em outra. Isto na prática reafirma a inexistência da interação genótipo x ambiente para PL entre as regiões com base nas correlações genéticas como já demonstrado na tabela 3. A via de exemplo, se determinado programa de seleção fosse elaborado com progênie avaliadas em R1 e fossemos extrapolar estes resultados de PTA's para seleção dos mesmos animais nas outras duas regiões, a nossa porcentagem de certeza estaria em torno de 99,12% para R3 e 97,93% para R2. Para produção de gordura e proteína no leite está afirmação também é validada. No caso da PG, como ilustrado nas figuras 5, 6 e 7, o erro de seleção variou de 0,99% a 2,46%, e de PP (figuras 8, 9 e 10) de 0,59% a 3,15%. Deste modo para estas duas características a nossa certeza em um programa de seleção realizado em R1 e utilizado nas outras regiões variaria em torno de 96,85% a 99,41%, portanto muito confiável. Vale ainda ressaltar que aquelas regiões que apresentaram correlações genéticas de 0,99, como o caso de R1 e R3 para PL, R2 e R3 para PG e R1 e R3 para PP mostraram maior uniformidade nas dispersões das PTA's dos touros.

Mulder et al. (2006) mostrou em seu trabalho que quando as correlações genéticas são elevadas entre regiões ($>0,61$), o maior ganho genético médio é obtido com apenas um programa de seleção, em comparação a programas distintos. O presente trabalho corrobora esta afirmação, já que como mencionado, elevadas correlações genéticas provaram diferenças

de baixa magnitude na PTA's dos animais. Ainda mais, como já citado, grande parte dos animais utilizados nos rebanhos paranaenses são importado de regiões com climas distintos, o que acaba por reduzir muitas vezes a eficiência de seleção. Diante destes aspectos um programa cooperativo de seleção de reprodutores para tais características seria bastante satisfatório, já que produziria animais adaptados às estas condições e poderiam ser utilizados por produtores paranaenses. Os autores ainda destacam que esta metodologia além de incrementar o progresso genético, poderia trazer resultados bastante positivos, devido à redução do preço do sêmen, beneficiando também os pequenos produtores, os quais ocupam grande porcentagem da cadeia primária do leite no Paraná.

2.5. CONCLUSÕES

Observou-se que as três regiões climáticas presentes no estado do Paraná não resultaram em uma interação genótipo x ambiente significativa para as características avaliadas na raça Holandesa. Os valores genéticos dos animais e suas classificações permaneceram inalterados, independentemente das regiões nas quais os mesmos são produzidos. Ou seja, as predições genéticas realizada nas regiões avaliadas possam, sem viés significativo, serem utilizados entre as regiões.

Além do mais, podemos concluir que, levando em consideração as diferenças climáticas entre as regiões paranaenses, apenas um programa de seleção genética seria necessário dentro do rebanho leiteiro da raça Holandesa no Paraná, refletindo em eficiência e baixo custo.

2.6. REFERÊNCIAS

- ABDALLA, E. A. et al. Short communication: Genetic correlation of bovine leukosis incidence with somatic cell score and milk yield in a US Holstein population. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 3, p.2005-2009, 2016.
- BERNABUCCI, U. et al. The effects of heat stress in Italian Holstein dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 1, p.471-486, 2014.
- BIASSUS, I. O. et al. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.1, p.85-94, 2011.
- BIGNARDI, A. B. et al. Reaction norm model to describe environmental sensitivity across first lactation in dairy cattle under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, v. 47, n. 7, p. 1405–1410, 2015.
- BILAL, G., et al. Estimates of heritabilities and genetic correlations among milk fatty acid unsaturation indices in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 12, p. 7367-7371, 2012.
- BORGES, A.M.; et al. Reprodução de vacas mestiças: potencialidade e desafios. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.39, p.155-163, 2015.
- BOTARO, B.G.; GAMEIRO, A.H.; SANTOS, M.V.D. Quality based payment program and milk quality in dairy cooperatives of Southern Brazil: an econometric analysis. **Scientia Agricola**, v.70 n.1,p.21-26, 2013.
- BOURDON, R. M. Understand Animal Breeding. 2.ed. Colorado State University. Prentice Hall, **Upper Saddle River**, NJ,p.538 , 2000.
- BOUWER, P. D. P.; MOSTERT, B. E.; VISSER, C. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of the SA Dairy Swiss population. **South African Journal of Animal Science**, v. 43, n. 2, p.113-122, 2013.
- CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 11, 2003.
- CAMPOS, R. V. et al. Genetic Parameters for Linear Type Traits and Milk , Fat , and Protein Production in Holstein Cows in Brazil. **Asia-Australasian Journal of Animal Science**, v. 28, n. 4, p. 476–484, 2015.
- CARABAÑO, M. J. et al. Modeling heat stress effect on Holstein cows under hot and dry conditions: Selection tools. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 12, p. 7889–7904, 2014.
- CARDOSO, V. L. et al. Revista Brasileira de Zootecnia Economic values for milk production and quality traits in south and southeast regions of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 43, n. 12, p. 636–642, 2014.

CECCHINATO, A. et al. Genetic parameters of coagulation properties, milk yield, quality, and acidity estimated using coagulating and noncoagulating milk information in Brown Swiss and Holstein-Friesian cows. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 8, p. 4205-4213, 2011.

COSTA, C. N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of holstein cows in brazilian herd environments. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, n.3, p.375-381, 1999.

DERAL. Análise da conjunta agropecuária safra 2010-2011 - agrometeorologia (2010/2011). Disponível em: http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/agrometeorologia_2010_11.pdf. Acesso em: 03/05/2017.

FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v. 86, p.293-298, 1952.

GOLSHIFTEH, T.; KARIMI, L. O. Interaction between genotype and environment for Holstein milk and fat production traits. **Global Journal of Animal Science, Livestock Production and Animal Breeding**, v. 5, n. 2, p. 308-313, 2016.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. VCE User`s guide and reference manual. **Version 6.0**. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. PEST2 User`s guide and reference manual. **Version 2.0**. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2009.

GUO, J. et al. Relationship of Somatic Cell Count with Milk Yield and Composition in Chinese Holstein Population. **Agricultural Sciences in China**, v.9, n.10, p.1492-1496,2010.

HAMMAMI, H. et al. Environment sensitivity for milk yield in Luxembourg and Tunisian holsteins by herd management level. **Journal of Dairy Science**, v. 92, No. 9, 2009.

HAYES, B. J. et al. Genotype×Environment Interaction for Milk Production of Daughters of Australian Dairy Sires from Test-Day Records. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 11, p. 3736–3744, 2003.

HORST, J. A. Manual de Operações de Campo. **Curitiba: Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná - APCBRH**, 2008.

HORST, J. A. Manual de Coleta de Amostras: Componentes e CCS. **Curitiba: Programa de Análise de Rebanhos Leiteiros do Paraná-APCBRH**, 2010.

HUQUET, B.; LECLERC, H.; DUCROCQ, V. Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, 44:35, 2012.

IAPAR, INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. Cartas climáticas do Estado do Paraná. Londrina: IAPAR, 1 **CD-ROM**. Versão 1.0. 2000.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Censo agropecuário 2008 – Agricultura Familiar. Rio de Janeiro: IBGE, 2015. Disponível em: <www.ibge.gov.br>. Acesso em 20/01/2017.

INTERBULL. Interbull Routine Genetic Evaluation for Dairy Production Traits. Disponível em: <http://www.interbull.org/web/static/mace_evaluations_archive/eval/prod-apr13.html>. Acesso em: 25/01/2017.

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

KEARNEY, J. F. et al. Genotype x environment interaction for grazing versus confinement. I. Production traits. **Journal of dairy science**, v. 87, n. 2, p. 501–509, 2004.

KOLMODIN, R. et al. Reaction norms for protein yield and days open in Swedish red and white dairy cattle in relation to various environmental variables. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science**, v. 54, n. 3, p. 139–151, 2004.

MONTALDO, H. H. et al. Genotype-environment interaction between Chile and North America and between Chilean herd environmental categories for milk yield traits in Black and White cattle. **Animal Science Papers and Reports**, v. 33, n. 1, p. 23–33, 2015.

MULDER, H. A. et al. Optimization of dairy cattle breeding programs for different environments with genotype by environment interaction. **Journal of dairy science**, v. 89, n. 5, p. 1740–1752, 2006.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A. Raças e cruzamentos para produção de leite no sul do Brasil. In: **Anais do V Sul Leite**. Maringá-Paraná, 2012.

NAUTA, W. J. et al. Genotype by environment interaction for milk production traits between organic and conventional dairy cattle production in the Netherlands. **Journal of Dairy Science**, v. 89, p. 2729–2737, 2006.

NESER, F. W. C.; VAN WYK, J. B.; DUCROCQ, V. A preliminary investigation into genotype x environment interaction in South African Holstein cattle for reproduction and production traits. *South African Journal of Animal Science*, v.44, n.5, p. 75-79, 2014.

NIXON, M. et al. Genetic parameters of milking frequency and milk production traits in Canadian Holsteins milked by an automated milking system. **Journal of dairy science**, v. 92, n. 7, p. 3422-3430, 2009.

PADILHA, A. H. et al. Random regression models are suitable to substitute the traditional 305-day lactation model in genetic evaluations of Holstein Cattle in Brazil. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v.29, n.6, p.759-767, 2016.

PAULA, M. C. et al. Interação genótipo × ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.

PEDROSA, V. B. et al. Use of weaning management group as a random effect for a more robust estimation of genetic parameters for post-weaning traits in Nellore cattle. **Genetic Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 7013-7021, 2014.

PEDROSA, V. B. et al. Genetic trends in dairy yield of Brazilian Holstein cow. In: JOINT ANNUAL MEETING - ADSA/ASAS, 2015, Orlando. **Journal of dairy science**; v. 98. p. 346-346, 2015.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 6ª ed. Belo Horizonte: **FEPMVZ editora**, 2012.

PFEIFFER, C. et al. Genotype by environment interaction in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives in Austrian Fleckvieh cattle. **Livestock Science**, v. 185, n. 889, p. 50–55, 2016.

PRITCHARD, T. et al. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. **Animal**, v. 7, n. 01, p. 34-46, 2013.

RAMIREZ-VALVERDE, R. et al. Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. **Animal**, 4:12, p.1971–1975, 2010.

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

SAS Institute. SAS Procedures guide, **version 6**, third edition, SAS Institute Inc. CARY NC, p. 105, 1990.

SAS - Statistical Analysis System. **User's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, 2009. (CD-ROM).

SAVAR SOFLA, S.; TAHERI DEZFULI, B.; MIRZAEI, F. Interaction between genotype and climates for Holstein milk production traits in Iran. **African Journal of Biotechnology**. v. 10 n.55, p. 11582-11587, 2011.

SEAB. Secretária da Agricultura e Abastecimento. Caracterização da bovinocultura de leite no Paraná. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/cultura3.pdf>, 2000. Acesso em: 10/11/2015.

SILVA, H. A. et al. Análise da viabilidade econômica da produção de leite a pasto e com suplementação na região dos Campos Gerais - Paraná. **Ciência Rural**, v.38, n.2, p.445-450, 2008.

FALCÃO, A. J.; MARTINS, E. N.; NAPOLIS, C. Interação genótipo- genótipo - ambiente na produção de leite de vacas da raça Holandesa. **Acta Scientiarum**, n. 1952, p. 225–231, 2008.

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

SUN, C. et al. Improvement of Prediction Ability for Genomic Selection of Dairy Cattle by Including Dominance Effects. **PlosOn**, v.9, n.8, 2014.

TIEZZI, F. et al. Accounting for genotype by environment interaction in genomic predictions for US Holstein dairy cattle. **Interbull Bulletin**, 2015.

TORRES-VÁZQUEZ, J. A. et al. Genetic and phenotypic parameters of milk yield , milk composition and age at first kidding in Saanen goats from Mexico. **Livestock Science**, v. 126, n. 1–3, p. 147–153, 2009.

TSURUTA, S. et al. Genotype by environment interactions on culling rates and 305-day milk yield of Holstein cows in 3 US regions. **Journal of Dairy Science**, v.98, n.8, p. 5796–5805, 2015.

ZWALD, N. R. et al. 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.

VALENCIA, M.; MONTALDO, H. H.; RUÍZ, F. Interaction between genotype and geographic region for milk production in mexican holstein cattle. **Archivos de Zootecnia**, v. 57, n.220, p. 457-463, 2008.