

## ANÁLISE GENÉTICA DO ESCORE DE PELAME NA RAÇA ANGUS

ANDRESSA LUCENA FARIAS<sup>1</sup>; DANIEL DUARTE DA SILVEIRA<sup>2</sup>; JUAN SALVADOR ANDRADE TINEO<sup>3</sup>; FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA<sup>4</sup>; VANERLEI MOZAQUATRO ROSO<sup>5</sup>; ARIONE AUGUSTI BOLIGON<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – and-27@bom.com.br

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – silveira1302@gmail.com

<sup>3</sup>Universidade Federal de Pelotas – juanti78@hotmail.com

<sup>4</sup>Universidade Federal de Pelotas – fabiopablos@hotmail.com

<sup>5</sup>Gensys Consultores Associados – gensys.vanerlei@gmail.com

<sup>6</sup>Universidade Federal de Pelotas - arioneboligon@yahoo.com.br

### 1. INTRODUÇÃO

Em sistemas de produção extensivos e regiões de clima tropical, a adaptação dos reprodutores taurinos às condições de criação ainda é um dos fatores limitantes para a sua utilização como raça pura, bem como em cruzamentos com animais de raças zebuínas. No Brasil, o escore de pelame é atribuído considerando o comprimento e densidade dos pelos, e vem sendo utilizado como um dos critérios de seleção em programas de avaliação genética na raça Angus (Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne – PROMEBO® e Programa Natura), visando principalmente à obtenção de animais mais adaptados a ambientes tropicais, com maior resistência ao estresse térmico e à infestação por carrapatos.

Em programas de melhoramento, as características categóricas (como o escore de pelame) são rotineiramente avaliadas com o uso de modelos lineares, sendo consideradas como contínuas. Porém, as características atribuídas visualmente podem não apresentar distribuição normal sendo, nesse caso, indicada a aplicação de modelos de limiar (RAMIREZ VALVERDE et al., 2001; LUO et al., 2002). Dessa forma, o presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de comparar a utilização de modelos linear e de limiar em avaliação genética do escore de pelame na desmama e ao sobreano em bovinos da raça Angus.

### 2. METODOLOGIA

Foram utilizadas 8.995 medidas de escores de pelame na desmama (PelD) e 6.482 medidas de escores de pelame ao sobreano (PelS) de animais da raça Angus que fazem parte do programa Natura, gerenciado pela empresa GenSys. Na atribuição a desmama, os animais apresentavam idade média de 229,22±36,19 dias, sendo filhos de 255 touros e 4.440 vacas. Ao sobreano, os animais apresentavam idade média de 542,89±48,06 dias, sendo filhos de 240 touros e 3.671 vacas. Na obtenção dos escores são atribuídas notas 1 (revestimento curto e liso), 2 (revestimento intermediário) ou 3 (revestimento longo e lanoso). Os animais com menores valores genéticos ou negativos são considerados mais adaptados a regiões tropicais (Gensys, 2019).

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados por fazenda, ano e estação de nascimento (quatro estações de três meses cada), sexo, grupo de manejo na desmama (para PelD) e grupo de manejo ao sobreano (para PelS). A idade do animal na mensuração e a idade da vaca ao parto foram incluídas como covariáveis (efeitos linear e quadrático). Os GC sem variabilidade fenotípica (em que todos os animais apresentavam o mesmo valor de pontuação) foram excluídos das análises. Foram obtidos 103 GC na desmama e 151 GC ao

sobreano. O arquivo de pedigree utilizado para montar a matriz de parentesco continha a identificação do animal, pai e mãe, totalizando 51.001 indivíduos.

Os componentes de variâncias, herdabilidades e valores genéticos foram obtidos em análises uni-característica com abordagem bayesiana, utilizando modelos animal linear e de limiar (MISZTAL et al., 2002). Foram considerados, como efeitos sistemáticos, o GC e as covariáveis, além dos efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno, de ambiente permanente materno e residual. Os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno foram considerados apenas para o PeID.

Em todas as análises foram geradas cadeias com 800.000 ciclos e descartados os primeiros 200.000. As amostras foram armazenadas a cada 20 ciclos. Os valores genéticos preditos nos modelos linear e de limiar foram utilizados na obtenção das correlações de classificação (Spearman), considerando todos os touros e 2%, 10% e 50% dos melhores touros (menores valores genéticos para PeID e PeIS), escolhidos com base nos valores genéticos preditos com a utilização do modelo linear.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A distribuição dos escores de pelame (Figura 1) indica que menos de 22% dos animais avaliados ao sobreano podem ser considerados com melhor adaptação ao ambiente tropical (escore 1). Na idade da desmama, essa proporção foi ainda menor (em torno de 11%). Esses resultados reforçam a relevância do aprimoramento genético do pelame na população avaliada, principalmente para a abertura de novos mercados que utilizam raças taurinas em climas tropicais, sendo uma excelente oportunidade para aumentar a rentabilidade dos pecuaristas dedicados a fornecer esses recursos genéticos para esquemas de cruzamentos com raças zebuínas.

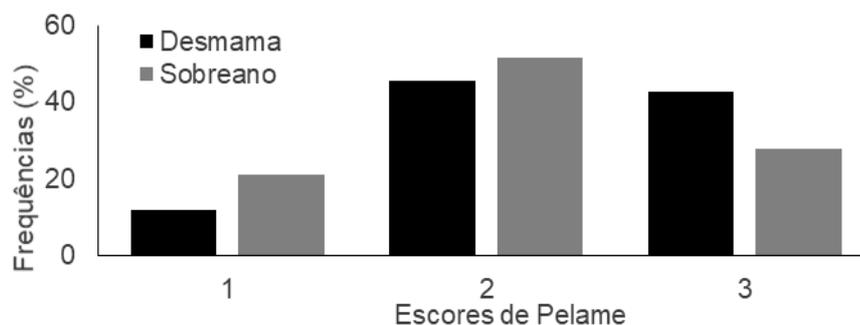


Figura 1 - Frequências de observações dos escores de pelame na desmama e ao sobreano em animais da raça Angus.

As herdabilidades diretas estimadas para os escores PeID e PeIS apresentaram valores baixos a moderados (Tabela 1). Para ambas as características, maiores herdabilidades foram obtidas com o modelo de limiar em comparação ao linear, indicando que o modelo de limiar apresentou maior capacidade de capturar a variação genética aditiva dos dados. Vários métodos têm sido utilizados na estimação dos parâmetros genéticos para características relacionadas ao pelame em bovinos, com valores de herdabilidades semelhantes ou superiores às obtidas no presente estudo (RILEY et al., 2012; REIMANN et al., 2018; SARLO DAVILA et al., 2019). É importante ressaltar que, apesar de maiores herdabilidades (variando de 0,42 a 0,67), abordagens baseadas em medidas objetivas de comprimento e diâmetro do pelo são menos aplicáveis nas

rotinas de fenotipagem em relação ao uso de escores visuais (SARLO DAVILA et al., 2019). Apesar dessa consideração prática, os resultados obtidos no presente estudo e relatados na literatura para animais taurinos, zebuínos e suas cruzas sugerem ser possível selecionar touros com melhores valores genéticos para características de pelame, visando à obtenção de animais mais adaptados ao ambiente tropical.

Tabela 1 - Variâncias e herdabilidades ( $\pm$  desvio padrão) estimadas para os escores de pelame na desmama (PelD) e ao sobreano (PelS) na raça Angus

Parâmetros	Modelo Linear		Modelo de Limiar	
	PelD	PelS	PelD	PelS
Variância genética aditiva direta	0,064	0,082	0,095	0,114
Variância genética materna	0,020	-	0,023	-
Variância de ambiente permanente materno	0,010	-	0,017	-
Variância residual	0,247	0,293	0,239	0,273
Herdabilidade direta	0,188 $\pm$ 0,029	0,218 $\pm$ 0,032	0,249 $\pm$ 0,039	0,295 $\pm$ 0,041
Herdabilidade materna	0,060 $\pm$ 0,016	-	0,078 $\pm$ 0,021	-

Considerando as correlações de classificação obtidas entre os valores genéticos preditos com os modelos linear e de limiar (Tabela 2), são esperadas alterações na classificação dos animais para PelD e PelS de acordo com o modelo utilizado em avaliações genéticas, principalmente quando são consideradas maiores intensidades de seleção (2% dos melhores touros selecionados). Para o escore de umbigo ao sobreano e utilizando os mesmos modelos do presente estudo, CAMPOS et al. (2017) relataram correlações de classificação de 0,71 e 0,60 ao considerarem 5% e 1% dos melhores touros selecionados, respectivamente, recomendando a utilização de modelo de limiar em avaliações genéticas para o escore de umbigo em bovinos Hereford e Braford.

Tabela 2 - Correlações de classificação (número de animais) entre os valores genéticos preditos para o pelame usando modelos linear e de limiar, para todos os animais (100%) e 50%, 20%, 10% e 2% dos melhores touros na raça Angus

Escore de pelame	Proporção de selecionados				
	Animais	Touros			
	100%	50%	20%	10%	2%
Na desmama	0,97 (8,995 animais)	0,95 (128 touros)	0,92 (51 touros)	0,87 (26 touros)	0,78 (5 touros)
Ao sobreano	0,96 (6,482 animais)	0,93 (120 touros)	0,90 (48 touros)	0,84 (24 touros)	0,75 (5 touros)

Em relação a melhor idade para a seleção, os resultados obtidos indicam que o PelS é mais herdável que o PelD, apesar do possível aumento no intervalo de gerações com a utilização do PelS como critério de seleção. Por outro lado, REIMANN et al. (2018) obtiveram herdabilidade ligeiramente superior para o pelame na desmama em comparação com a característica obtida ao sobreano em rebanhos das raças Hereford e Braford. Além disso, esses autores relataram uma maior influência do efeito genético aditivo direto na expressão do escore de pelame em relação à população avaliada no presente estudo.

#### 4. CONCLUSÕES

O escore de pelame deve responder à seleção a longo prazo. O modelo de limiar é recomendado a ser utilizado em avaliações genéticas da pelagem na desmame e ao sobreano na população estudada.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CAMPOS, G.S.; REIMANN, F.A.; SCHIMDT, P.I.; CARDOSO, L.L.; SOLLERO, B.P.; BRACCINI, J.; YOKOO, M.J.; BOLIGON, A.A.; CARDOSO, F.F. Threshold and linear models for genetic evaluation of visual scores in Hereford and Braford cattle. **Animal Production Science**, v.59, n.4, p.619-627, 2018.

GENSYS, SUMÁRIO NATURA 2019: Características avaliadas. Acessado em: 22 ago. 2019. Online. Disponível em: <http://gensys.com.br/wp-content/uploads/2019/08/sumario-NATURA-2019.pdf>

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using Bayesian methods. **Livestock Production Science**, v.74, n.2, p.175-184, 2002.

MISZTAL, I. BLUPF90 manual. 2002. Acessado em 12 nov. 2019. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>.

RAMIREZ-VALVERDE, R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, n.2, p.333-338, 2001.

REIMANN, F.A.; BOLIGON, A.A.; CAMPOS, G.S.; CARDOSO, L.L.; JUNQUEIRA, V.S.; CARDOSO, F.F. Genetic parameters and accuracy of traditional and genomic breeding values for eye pigmentation, hair coat and breed standard in Hereford and Braford cattle. **Livestock Science**, v.13, p.44-50, 2018.

RILEY, D.G.; CHASE JR, C.C.; COLEMAN, S.W.; OLSON, T.A. Genetic assessment of rectal temperature and coat score in Brahman, Angus, and Romosinuano crossbred and straightbred cows and calves under subtropical summer conditions. **Livestock Science**, v.148, n.1-2, p.109-118, 2012.

SARLO DAVILA, K.M.; HAMBLEN, H.; HANSEN, P.J.; DIKMEN, S.; OLTENACU, P.A.; MATEESCU, R.G. Genetic parameters for hair characteristics and core body temperature in a multibreed Brahman-Angus herd. **Journal of Animal Science**, v.97, n.8, p.3246-3252, 2019.