

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA PELAME EM BOVINOS DA RAÇA ANGUS

PAULO RICARDO LOSEKANN II¹; FABIANE PEREIRA DE MORAES²;
FERNANDO FLORES CARDOSO³; GABRIEL SOARES CAMPOS⁴; RAFAEL
GIANELLA MONDADORI⁵;

¹Universidade Federal de Pelotas – paulo.losekann2@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – fabypmoraes@gmail.com

³Embrapa Pecuária Sul – fernando.cardoso@embrapa.br

⁴Interbull Centre, Sweden – gabrielsoarescampos@hotmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – rgmondadori@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

De acordo com a Organização Meteorológica Mundial (OMM), 2024 foi o ano mais quente já registrado, e ainda, estima-se que a temperatura média do planeta tenha um incremento de 1,55°C nos próximos cinco anos (ONU, 2025). De acordo com Geraldo (2013), configura-se um cenário desafiador para a produção de produtos de origem animal, bem como, para o bem-estar animal surge a demanda de selecionar animais mais termotolerantes, e, portanto, com melhores respostas produtivas (ESPINOZA et al., 2011). Dessa maneira, é necessário desenvolver ferramentas de melhoramento genético do rebanho com a determinação de características herdáveis (EMBRAPA, 2013). O pelame nos bovinos desempenha papel fundamental na adaptação térmica e no desempenho zootécnico dos animais em diferentes ambientes. Essa característica de conformação do pelo é associada à capacidade do bovino realizar as trocas de calor com o ambiente (FARIAS et al., 2024). Além dos fatores sazonais, fatores de herdabilidade também são relevantes para as características de pelame dos indivíduos (PROMEBO, 2018).

Nesse sentido, a aplicação de estudos de genômica na pecuária transformou os programas de melhoramento, uma vez que, permite estimativas mais precisas de valores genéticos, compreendendo sua estrutura e identificando regiões cromossômicas associadas a fenótipos de interesse econômico. Áreas do genoma em *Bos taurus* relacionadas com a termotolerância já foram analisadas, bem como, foram detectados os polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs) relacionados à estas características herdáveis (DIKMEN et al., 2013). Nesse sentido, com o intuito de avaliar especificamente SNPs relacionados ao pelame dos animais, usa-se ferramentas como os estudos de associação genômica ampla (GWAS), que são capazes de fornecer a estrutura genética de cada espécie e seus dados por meio de tecnologia. De modo que, são avaliados simultaneamente milhares de marcadores distribuídos no genoma, permitindo a detecção de variantes ligadas à variação fenotípica (BUSH et al., 2012). Assim sendo, o objetivo do trabalho foi utilizar a ferramenta GWAS para identificar SNPs significantes no que diz respeito ao pelame dos animais, com o intuito de permitir a seleção de marcadores importantes para essas características e auxiliando na busca por maior termotolerância em raças taurinas. Além disso, foram estimados os parâmetros genéticos para o pelame na desmama e ao sobreano.

2. METODOLOGIA

Foram avaliadas informações fenotípicas de pelame medidos a desmama (PELD) e sobreano (PELS) em 138.575 bovinos da raça Angus, pertencentes ao programa de melhoramento de bovinos de carne (PROMEBO). Os animais foram avaliados através de escores visuais para pelame ao desmame e ao sobreano variando de 1 a 3, onde 1 se refere a pelame curto, 2 a pelame médio, e 3 a pelame longo (Reimann et al., 2018). Foram definidos grupos de contemporâneos (GC) por meio da concatenação das informações da fazenda, sexo, ano e estação de nascimento, grupo de manejo e data da avaliação fenotípica. Após edição dos dados, foram mantidos na análise registros de 4906 GCs na desmama e 6279 no sobreano. O arquivo de pedigree continha 214664 animais, e informações genotípicas de 20.115 animais, genotipados com SNP chips de diferentes densidades, variando entre 30K e 150K SNPs. Após controle de qualidade dos genótipos e imputação de genótipos, foram mantidos nas análises 72.484 SNPs e 19.215 animais genotipados.

Um modelo animal bi-característico considerando os efeitos fixos de GC e idade do animal linear e quadrática, efeito aleatório genético aditivo, efeito de ambiente permanente materno (somente para PELD) e efeito residual foi utilizado para a estimação dos componentes de (co)variância usando o software AIREMLF90. Os valores genéticos genômicos e os efeitos de SNP foram estimados pelo método de passo único GBLUP (ssGBLUP) usando os programas da família BLUPF90. O limiar de significância foi definido pelo ajuste de Bonferroni, considerando SNPs significativos quando $p < 0,05/\text{número de SNPs}$. Em termos de comparação, também apresentamos o número de SNPs significativos com o método de taxa de descoberta falsa (FDR).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com Grandin (2000), bovinos expostos a estressores como o calor podem sofrer alterações fisiológicas que afetam o eixo hipotálamo-hipófise-gonadal, impactando a reprodução. O estudo busca identificar características morfológicas e genéticas relacionados à termotolerância. Já foi determinado que animais com pelo mais curto e fino são mais resilientes ao calor (FARIAS et al., 2024), assim sendo esse trabalho busca determinar se esses animais são portadores de SNPs que podem ser utilizados como marcadores para seleção genômica. Nesse sentido, com o intuito de analisar e mensurar características de pelame, utiliza-se GWAS para evidenciar as regiões do genoma que influenciam o fenótipo.

No presente estudo, a herdabilidade estimada (h^2) para PELD foi de 0,17, enquanto para PELS foi de 0,19 e uma correlação genética entre as duas de 0,94, caracterizando que o pelame entre desmama e sobreano tem alta correlação genética. Outros estudos com bovinos Hereford e Braford (Reimann et al, 2018), encontraram valores de h^2 entre 0,44 e 0,42 para PELD e PELS, respectivamente. Em bovinos Angus, Campos et al., estimaram valores de h^2 de 0,28 para PELD, e 0,32 para PELS com modelo de limiar. A correlação genética entre o PELD e PELS também foi maior que 0,9 nestes estudos citados acima (Reimann et al., 2018; Campos et al., 2022).

Em relação ao estudo de GWAS utilizando o método de passo único GBLUP, foram encontrados 5 SNPs significativos tanto para PELD como para PELS pelo teste de Bonferroni e 9 SNPs pelo método FDR. Os SNPs foram encontrados nos cromossomos 5, 13 e 20. O fator de inflação genômico foi de 0,93 para PELD e de 0,92 para PELS. Em geral, valores próximos de 1 indicam que não há inflação, ou seja, os resultados não estão viesados.

A próxima etapa do trabalho será fazer o estudo funcional com os resultados do GWAS, de maneira que possa descobrir possíveis genes candidatos para a característica de pelame e que possam ser utilizados futuramente para a seleção de animais mais resilientes ao calor. Assim, será possível expandir a criação de *Bos taurus* em regiões tropicais, reduzindo as perdas causadas pelo estresse térmico e aumentando a produtividade, agregando valor ao produto final. A identificação de um genótipo mais adaptado ao calor também possibilitará a inclusão de novas avaliações em programas de melhoramento genético para bovinos de corte da raça Angus.

4. CONCLUSÕES

Foram estimadas herdabilidades de média magnitude para o pelame na desmama e sobreano, indicando que é possível obter ganho genético para essas características. A alta correlação genética observada entre as fases de desmama e sobreano indicam que a seleção pode ser feita antecipadamente na desmama.

Nesse sentido, com a utilização da ferramenta GWAS foi possível identificar SNPs significativos para PELD e PELS. Dessa forma, é possível após estudo funcional aplicar esses resultados de maneira a se buscar o melhoramento genético da raça em estudo.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BUSH, W.S.; MOORE, J.H. Genome-Wide Association Studies. **Computational Biology**, USA, v.8, n.11, 2012.

CAMPOS, G. S.; CARDOSO, F. F.; GOMES, C. C. G.; DOMINGUES, R.; REGINATO, L. C. A.; OLIVEIRA, M. C. S.; OLIVEIRA, H. N.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G.; MILLER, S.; MISZTAL, I.; LOURENCO, D. Development of genomic predictions for Angus cattle in Brazil incorporating genotypes from related American sires. **Journal of Animal Science**, Oxford, v.100, 2022.

DIKMEN, S.; COLE, J.B.; NULL, D.J.; HANSEN, P.J. Genome-wide association mapping for identification of quantitative trait loci for rectal temperature during heat stress in Holstein cattle. **Plos One**, USA, v.7, 2013.

EMBRAPA. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte**. Brasília: EMBRAPA, 2013.

ESPINOZA, J. V.; ORTEGA, R. P.; PALACIOS, A. E.; GUILLÉN, A. T. Tolerancia al calor y humedad atmosférica de diferentes grupos raciales de ganado bovino. **Revista de Medicina Veterinaria y Zootecnia de Córdoba**. v. 16 (1), p. 2302-2309, 2011.

FARIAS, C.O.; LAZZARI, J.; SOARES DA CUNHA, I.; GONÇALVES, P. B. D.; GASPERIN, B. G.; LUCIA, T. J.; SCHMITT, E.; CARDOSO, F. F.; SARUBBI, J.; MONDADORI, R. G. Thermotolerance in Angus cattle is related to hair coat characteristics but not to coat color. **Journal of Thermal Biology**, United Kingdom, 124, 2024.

GERALDO, A. C. A. P. M. **Termotolerância em fêmeas bovinas: abordagens celular e fisiológica**. 2013. 93p. Tese (Doutorado em Qualidade e Produtividade Animal) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

GRANDIN, T. Behavioral agitation during handling in cattle is persistent over time. **Applied Animal Behaviour Science**, Amsterdam, v.36, n.1, p. 1-9, 2000.

ONU. **Aumento da temperatura da terra**. ONU website, São Paulo, 22 junho 2025. Notícias. Acessado em 22 junho 2025. Online. Disponível em: <https://brasil.un.org/pt-br/287173-onu-confirma-2024-como-o-ano-mais-quente-j%C3%A1-registrado-com-cerca-de-155%C2%B0c-acima-dos-n%C3%ADveis#:~:text=ONU%2C%20Ant%C3%B3nio%20Guterres,-%E2%80%9COs%20anos%20individuais%20que%20ultrapassam%20o%20limite%20de%201%2C5,a%C3%A7%C3%A3o%20clim%C3%A1tica%20pioneira%20em%202025.%E2%80%9D>

PROMEBO, 2018. **Manual do Usuário PROMEBO**. Promebo website, Pelotas, 22 julho 2025. Notícias. Acessado em: 28 de julho 2025. Disponível em: <https://angus.org.br/tag/promebo/>

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**, Amsterdam, v.213, p.44-50, 2018.