

Genética e Melhoramento dos Animais Domésticos

ID: 753-1 **Influência das medidas morfométricas angulares nos equinos da raça Campolina**

FERNANDA NASCIMENTO DE GODOI, CHIARA ALBANO DE ARAÚJO OLIVEIRA, RAPHAEL BERMAL COSTA, IANA ISABEL CARVALHO JESUS, ADRIELE SILVA DE SOUSA, ALANA LACERDA SANTOS, BEATRIZ BASTOS SENES, AMANDA MAGALHÃES LÊDO DE OLIVEIRA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia

A evolução das raças de equídeos brasileiros, ocorre com base em observações quase sempre empíricas dos criadores, bem como de técnicos e árbitros nos julgamentos nas exposições. Porém, é necessário que os equinos apresentem proporções morfológicas bem definidas cientificamente, para que os objetivos de beleza dos criadores não prejudiquem a funcionalidade dos animais. Dessa forma, a aproximação entre os criadores de cavalo e os pesquisadores da equideocultura é essencial e as medidas angulares estão envolvidas com a dinâmica do andamento e devem ser avaliadas para melhor caracterização do padrão racial. Dessa forma, objetivou-se avaliar a influência das medidas angulares nos equinos da raça Campolina, nos sexos e nos diferentes andamentos. Foram utilizados 106 equinos da raça Campolina, sendo 50 machos e 56 fêmeas. Esses animais participaram da VI Exposição Brasileira do Cavalo Campolina, Feira de Santana – BA, Brasil, apresentando o andamento marcha batida (n=70) e marcha picada (n=36). Todas as mensurações foram realizadas do lado direito do animal em estação forçada, ou seja, com os membros torácicos e pélvicos na perpendicular sobre um solo plano, utilizando o artrogoniômetro, que é um equipamento metálico formado por duas hastes, sendo uma móvel e a outra fixa, acoplado com um transferidor e um nível. Os ângulos avaliados foram os seguintes: escápulo-umeral; escápulo-solo; úmero-radial; coxo-solo; coxo-femoral; fêmoro-tibial e tíbio metatársico. Os dados foram analisados utilizando estatística descrita e, posteriormente, foi realizada análise de variância pelo procedimento GLM do programa SAS. Foram observadas diferenças (P

Palavras-chave: andamento, cavalo, marchador, morfologia, seleção

fernandagodoi@gmail.com

ID: 66-3 **AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA DA PLACENTA EM POTROS COM NANISMO EM EQUINOS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO**

CELIA RAQUEL QUIRINO, EDUARDO GURGEL DA SILVA, AYLTON BARTHOLAZZI JUNIOR, VINÍCIUS MARETTO, JANAÍNA LEITE PEREIRA, NATÁLIA FERREIRA TORRES, LUDMYLA RODRIGUES AUDIZIO, LUIS FONSECA MATOS

¹ UENF - Universidade Estadual do Norte Fluminense

A placenta fornece nutrientes e oxigênio para o potro, retira os produtos residuais a partir da circulação feto-placentário e disponibiliza fatores de crescimento, que controlam o crescimento fetal e regulam o ambiente

intra-uterino do feto. Fatores que afetam negativamente a relação íntima da placenta com o endométrio podem causar distúrbio do desenvolvimento fetal e do parto. O objetivo deste estudo foi comparar a morfometria da placenta em potros nascidos com malformações características de nanismo e potros normais da raça Pônei Brasileiro. O parto de 10 éguas pôneis da raça Pônei Brasileiro foi acompanhado seguido da avaliação da placenta, na caracterização do nanismo nos potros e pesagem dos mesmos. Foram obtidas as medidas de: perímetro total do cório, área total do cório, abertura cervical, perímetro total do âmnio, área total do âmnio, comprimento total da placenta, comprimento corno gravídico, diâmetro médio corno gravídico, diâmetro entrada corno gravídico, comprimento corno não gravídico, diâmetro médio corno não gravídico, diâmetro entrada corno não gravídico, volume total da placenta, volume cório alantóide, volume âmnio, volume cordão umbilical, peso total da placenta, peso cório alantóide, peso âmnio, peso cordão umbilical e comprimento do cordão umbilical. O peso total da placenta, área total do cório, perímetro total do âmnio e área total do âmnio foram calculados através do programa ImagemJ e as demais medidas foram tomadas com régua metálica. Os potros pôneis nascidos normais da raça Pônei Brasileiro apresentaram média no comprimento total da placenta de 68,60 cm, volume total da placenta de 1323,00 mL e peso total da placenta de 1365,76 g. Foi caracterizado ao nascimento cinco potros com nanismo e cinco potros normais. O peso do potro apresentou diferenças ($P \leq 0,05$) entre potros com nanismo e normais (10,360kg e 13,820kg, respectivamente). As medidas morfométricas da placenta apresentaram diferenças estatísticas ($P \leq 0,05$) entre os potros nascidos normais e com nanismo no perímetro total do âmnio (252,39cm e 200,98cm), peso total da placenta (1365,76g e 858,35g), peso cório-alantóide (839,41g e 518,36g) e peso âmnio (448,63g e 289,19g). O peso dos neonatos apresentou correlações altas e significativas com o perímetro total do âmnio, peso total da placenta, peso cório-alantóide, peso âmnio, área total do âmnio e comprimento total da placenta. Os potros com nanismo apresentaram um menor tamanho ao nascimento e o nanismo está relacionado ao desenvolvimento da placenta que apresentou menor peso e menor perímetro total do âmnio. O tamanho do cório-alantóide não apresentou diferença entre os potros com nanismo e normais. O nanismo influencia o desenvolvimento fetal e o peso do potro ao nascimento.

Palavras-chave: éguas, feto, obstetrícia, reprodução

crqster@gmail.com

ID: 686-1 **MULTI-TRAIT ANALYSIS FOR BEEF AND DAIRY TRAITS IN DUAL PURPOSE GUZERÁ HERDS IN TROPICAL CONDITIONS**

LAIS COSTA BRITO, PAULO SÁVIO LOPES, FABYANO FONSECA E SILVA, SIRLENE FERNANDES LÁZARO, HENRIQUE TORRES VENTURA, FRANK ANGELO TOMITA BRUNELI, ROGÉRIO RIBEIRO VICENTINI, MARIA GABRIELA CAMPOLINA DINIZ PEIXOTO

¹ UFRA - Universidade Federal Rural da Amazônia, ² UFV - Universidade Federal de Viçosa, ³ ABCZ - Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, ⁴ Embrapa - Embrapa Gado de Leite, ⁵ IZ - Instituto de Zootecnia

*Financiado por: CNPq

Dual purpose production systems allow profits from the sale of milk and calves, increasing revenue. The knowledge about genetic association among traits lead to design specific breeding strategies in according to dual purpose objectives. We aimed with this study to estimate genetic parameters for 305-d milk yield (MY305) and growth (weaning – WW, yearling – YW and long yearling weights - LYW) traits in Guzará cattle by using Bayesian multi-trait models. Data were provided by Brazilian Association of Zebu Cattle (ABCZ) and Embrapa Dairy Cattle Research Unit in partnership with the Brazilian Center of Guzará Genetic Improvement (CBMG). Weight calculations were as outlined in the BIF Guidelines. The 305-day lactation records were previously adjusted for mature age and only considered first lactation records. Birth season was defined as 1 (for animals born from April to September – dry season) and 2 (for animals born from October to March – rainy season). After constrains, records of 95,329 Guzará animals born between 1991 and 2014 were used. The pedigree file (120,599 animals) included animals with phenotypic records and their known ancestors. Systematic effects included sex and age at calving. The additive genetic and contemporary groups (herd-year-season of birth) were included as random effects. For all traits, records outside the range determined by the mean of the CG plus or minus two standard deviations, and CG fewer than four observations were excluded. Additionally, maternal genetic and permanent effects were included as random effects for weaning weight trait. (Co)variance components were estimated via MCMC Bayesian approach using the Gibbs Sampler algorithm. A total of 100,000 samples were generated in the analyses and a burn-in period of 10,000 samples was used with samples taken each 10 cycles. Convergence was verified through graphical inspection and R package BOA. Heritability estimates were 0.29 (MY305), 0.42 (WW), 0.49 (YW) and 0.56 (LYW). Genetic correlations among weight measures were 0.85 (WW x YW), 0.83 (WW x LYW) and 0.94 (YW x LYW). Among weight measures and milk yield were 0.25 (MY305 x WW), 0.32 (MY305 x YW) and 0.36 (MY305 x LYW). Given the heritability estimates, individual selection should imply in genetic gains for all traits. Consequently, their adoption as selection criteria will be effective in this population and expressive genetic gain could be achieved in breeding programs. The favorable genetic correlations estimates among milk yield and weight traits suggest the effectiveness of simultaneous selection for both objectives (milk and beef production). Selection for milk yield do not jeopardize selection for growth traits, enabling dual-purpose objectives in the breeding goal of Guzará cattle breeding program.

Palavras-chave: dual purpose, Guzará, milk yield, weight, multi-trait

laiscostabrito@gmail.com

ID: 755-1 **Classificação dos equinos marchadores da raça Campolina de acordo com os índices morfométricos**

ADRIELE SILVA DE SOUSA, FERNANDA NASCIMENTO DE GODOI, CHIARA ALBANO DE ARAÚJO OLIVEIRA, RAPHAEL BERMAL COSTA, IANA ISABEL CARVALHO DE JESUS, ALANA LACERDA SANTOS, FABIANY SOUSA FEITOSA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia

A raça Campolina é de origem nacional e caracterizada por apresentar animais de elevado porte, robustez, resistência e andamento cômodo. Objetivou-se classificar e caracterizar os equinos marchadores da raça Campolina utilizando os índices morfométricos, nos machos e nas fêmeas. O estudo foi realizado na VI Exposição Brasileira do Cavalo Campolina Marchador, em Feira de Santana-BA. Foram utilizados 106 animais da raça Campolina, sendo 50 machos e 56 fêmeas. Os animais foram mensurados do lado direito do corpo em estação forçada e em piso plano. Foram avaliados os índices: índice corporal (IC), calculado pelo comprimento do corpo multiplicado por cem e dividido pelo perímetro torácico. Índice meloscópico (IM), definido pela distância do vazio subesternal dividida pela soma dos perímetros do antebraço, do joelho e da canela. Esses dois índices classificam os animais em longilíneos, mediolíneos e brevilíneos. O índice dactilo-torácico (IDT) consiste na divisão do perímetro da canela pelo perímetro torácico; classificando-os em hipermétricos, eumétricos e hipométricos. Índice de carga na canela (ICC), obtido pela divisão do perímetro da canela pelo peso corporal; e indica a capacidade dos membros do animal para descolar a massa corporal. O índice de conformação (ICF) avalia a aptidão do animal para sela ou tração e é calculado pela divisão do perímetro torácico ao quadrado pela altura na cernelha. Índice de carga (ICA), calculado pelo quadrado do perímetro torácico multiplicado por uma constante (x) e dividido pela altura na cernelha. Este índice recomenda o peso suportado pelo equino em trabalhos ao passo (x=95) e ao trote ou ao galope (x=56). Foi realizada análise de variância pelo procedimento GLM do programa SAS. O IC foi semelhante entre machos e fêmeas, com média de 87,580, classificando-os em mediolíneos. Houve efeito de sexo (P0,05), com média de 207,17kg ao passo e 122,12kg ao trote ou ao galope. Foi observado que os equinos avaliados, de ambos os sexos, apresentaram aptidão para tração de acordo com o ICF, de 2,181, o que não é recomendado pelo padrão racial de equinos de sela. Conclui-se que os machos da raça Campolina são classificados em mediolíneos pelo IC, em brevilíneos pelo IM e em eumétricos pelo IDT. As fêmeas são mediolíneas pelo IC, longilíneas pelo IM e hipométricas pelo IDT. Os machos apresentaram membros mais fortes em relação às fêmeas. Ambos os sexos apresentaram aptidão para tração.

Palavras-chave: biometria, cavalo, índice de conformação, proporções corporais, seleção

adrieless@live.com

ID: 809-1 **Asociación de polimorfismos de nucleótido simple en el gen de STAT5A con valores de cría moleculares en vacas Holstein de pelo corto y pelo normal**

JOAN MARIE PATIÑO, TAD SONSTERGARD, ESBAL JIMÉNEZ, MELVIN PAGÁN MORALES

¹ UPRM - Universidad de Puerto Rico- Recinto de Mayagüez , ² acceligen - Acceligen Inc.

En Puerto Rico, se ha identificado ganado de la raza Holstein que presentan el fenotipo de pelo corto (PC), característica previamente descrita en razas criollas y en ganado de carne Senepol. Recientemente, un polimorfismo (InDel) en el gen del receptor de prolactina (PRLR; cromosoma 20:39136558GC>G) fue

clasificado como el responsable de PC. Dicho PRLR-InDel se ha asociado a una mayor capacidad termo-reguladora, superior producción de leche y menores intervalos entre partos cuando se comparan vacas Holstein-PC con aquellas de pelo normal (PN). Por otro lado, el gen transductor de la señal y activador de la transcripción 5A (STAT5A) se ha asociado a la iniciación de la preñez, producción de leche y rasgos de salud en bovinos. Por lo tanto, el objetivo de esta investigación fue determinar el patrón de segregación de dos polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) en STAT5A (rs380782563 y rs210725899; intrón 12) entre vacas Holstein-PC y PN y evaluar su potencial asociación con valores de cría moleculares (VCM) de rasgos productivos y reproductivos y con registros fenotípicos (producción de leche, intervalo entre partos, células somáticas) del programa de mejoramiento de hatos lecheros (DHI). Para esto, un total de 57 vacas Holstein de tres hatos lecheros en Puerto Rico fueron clasificadas fenotípicamente como PC y PN. Estas fueron verificadas molecularmente según sus genotipos PRLR-InDel [PC (n=30): genotipos AB (A=alelo con inserción de citosina/ B=alelo con eliminación de citosina) y BB; PN (n=27): genotipo AA] y genotipificadas para ambos SNPs STAT5A. Se obtuvo VCM para las características de vida productiva, temperamento lechero, producción de leche, tasa de preñez y células somáticas mediante un panel comercial de marcadores moleculares (Igenity®, Corporación Neogen). Para STAT5A-SNP rs380782563, se observaron frecuencias genotípicas similares entre PC (CC/0.75-CT/0.25) y PN (CC/0.72-CT/0.28; χ^2 P>.05). Lo mismo ocurrió en STAT5A-SNP rs210725899 (AC/0.37-AA/0.63 PC; AC/0.30-AA/0.70 PN, χ^2 P>.05). No se observó ninguna asociación entre STAT5A-SNP rs380782563 y los VCM evaluados (P>.05). En cambio, STAT5A-SNP rs210725899 estuvo asociado con el VCM de vida productiva (2.78 ± 0.23 meses AA y 3.96 ± 0.32 meses AC; P=.0032). Estos resultados sugieren que, independiente del tipo de pelo, animales que presenten el genotipo AC de STAT5A-SNP rs210725899 presentan una mayor proporción de alelos cuyo efecto aditivo podría resultar en una mayor permanencia del ganado en el ciclo productivo del hato traduciéndose en una mayor aportación económica al ganadero resultante de una frecuencia de descarte temprano baja.

Palavras-chave: Holstein, STAT5A, pelo corto

melvin.pagan1@upr.edu

ID: 632-1 **Influência do genótipo e de fatores ambientais sobre a taxa de crescimento relativa de ovinos de corte**

LUCIANA WATANABE SHIBATA, LENICE MENDONÇA DE MENEZES, WANDRICK HAUSS DE SOUSA, FLÁVIO GOMES DE OLIVEIRA, FELIPE QUEIROGA CARTAXO

¹ UFPB - Universidade Federal da Paraíba, ² EMEPA-PB - Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba

*Financiado por: FINEP e Cnpq

O crescimento animal na fase pré-desmama é fundamental para o bom desenvolvimento na fase pós-desmama, sendo indicador de precocidade dos animais, o que é fundamental em sistemas com abate

precoce, visando a obtenção de produtos com qualidade sensorial superior, para atender às exigências de um mercado consumidor cada vez mais exigente e de maior poder de compra. Assim, objetivou-se neste estudo, avaliar a influência de fatores genético e ambientais, sobre a taxa de crescimento relativa, até a desmama, em ovinos das raças Dorper e Santa Inês, bem como suas cruzas. Foram utilizados registros de pesos ao nascimento e à desmama de 579 cordeiros, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (EMEPA-PB), localizada no município de Tacima - PB. A taxa de crescimento relativa foi calculada de acordo com a equação (Fitzhugh & Taylor, 1971): $TCR = ((\ln(PD) - \ln(PN)) / (\text{idade de desmame})) * 1000$. Foram avaliados os efeitos do genótipo do cordeiro (Dorper, Santa Inês e Cruzados), época de nascimento (seca e chuvosa), sexo (machos e fêmeas) e tipo de nascimento (simples e múltiplos). Utilizou-se um delineamento inteiramente casualizado (DIC), ajustando-se um modelo fixo, através da metodologia dos mínimos quadrados, aplicando o procedimento GLM do software SAS 9.2 (2009). Todos os fatores incluídos no modelo foram considerados significativos pelo teste F, a 5% de probabilidade. Foi utilizado o teste de Tukey (5%) para a comparação múltipla das médias. Verificou-se que os animais Dorper (13,3%) tiveram melhor TCR que os animais Santa Inês (12,6%), não havendo diferenças significativas entre estes e os cruzados (12,9%). Este resultado pode ser explicado, uma vez que a raça Dorper é considerada precoce e especializada em produção de carne. Animais nascidos em época chuvosa (13,5%) tiveram maior TCR que os nascidos em época seca (12,4%), o que é justificável pelo melhor ambiente materno e consumo de leite, dos animais nascidos em época chuvosa, onde há maior disponibilidade alimentar para as matrizes. A TCR dos machos e fêmeas foram, respectivamente, iguais a 13,3% e 12,5%, sendo esta diferença significativa estatisticamente. Os animais nascidos simples tiveram melhor TCR (14,3%) do que os cordeiros nascidos múltiplos (11,5%), o que pode ser justificado pela menor competição pelo leite materno, nos animais nascidos simples. O efeito de genótipo é uma importante fonte de variação sobre a TCR de ovinos até a desmama, com melhores resultados para a raça Dorper. Os efeitos ambientais também afetam a TCR dos cordeiros, devendo ser considerados nos estudos que avaliem o crescimento nesta espécie.

Palavras-chave: crescimento, cruzamentos, Dorper, efeito genético, Santa Inês

luhws@hotmail.com

ID: 821-1 **Estructura y diversidad genética en una población de vacas Holstein de Antioquia a partir de un polimorfismo del gen OLR1.**

EDWIN DAVIER CORREA ROJAS, JULIAN ECHEVERRI, ALBEIRO LÓPEZ HERRERA

¹ UNAL - Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

*Financiado por: Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

Introducción. En bovinos existe una alta variabilidad genética. Diferentes técnicas de biología molecular han permitido el conocimiento del genoma bovino. El uso de herramientas como la selección asistida por

marcadores moleculares puede incorporarse en programas de mejoramiento genético en conjunto con la información fenotípica. En Colombia el hato lechero de la raza Holstein ha sido sometido a diferentes presiones de selección indirecta, a través de la implementación de biotecnologías como la inseminación artificial, que ha ayudado a diseminación de material genético de diferentes partes del mundo. Por lo tanto no se conocen los parámetros de estructura poblacional y de diversidad genética para algunos polimorfismos asociados a características de importancia económica. **Objetivo.** Determinar la estructura y diferenciación genética de una población de vacas Holstein de Antioquia a partir del polimorfismo 223A/C del gen receptor 1 de lipoproteína de baja densidad oxidada (OLR1). **Materiales y métodos.** La investigación se realizó con 395 vacas de la raza Holstein de 10 hatos de 5 municipios del departamento de Antioquia, Colombia. Se extrajo DNA de sangre por técnica de Salting out, y se genotipificaron los individuos mediante la técnica de PCR-RFLP usando la enzima de restricción PstI. La heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e), el equilibrio de Hardy-Weinberg, la estructura y diferenciación genética entre las poblaciones se calculó mediante los estadísticos de F Wright utilizando el software GenAlex. **Resultados.** El polimorfismo 223A/C del gen OLR1 presentó una frecuencia de 0.35 y 0.65 para los alelos A y C respectivamente. No se encontraron desviaciones en el equilibrio de Hardy Weinberg en ninguna subpoblación ni en la población total para el polimorfismo evaluado. El valor de los F_{ST} (0.015) para el polimorfismo en la población fue significativo ($p > 0.05$), por tanto hay estructuración genética, indicando una pequeña diferenciación genética. El coeficiente de endogamia F_{IT} y el F_{IS} no fueron significativos, teniendo como referencia el polimorfismo 223A/C en la población Holstein de Antioquia, se encuentra que no hay endogamia. **Conclusiones.** Con base en la población de estudio se puede concluir que el gen OLR1 no ha sido sometido a una fuerte presión de selección genética directa ni a otras fuerzas génicas.

Palavras-chave: Equilibrio de Hardy-Weinberg, Ganado lechero, genética poblacional, Genoma bovino, PCR-RFLP

edcorrea@unal.edu.co

ID: 775-2 **Heredabilidades y tendencias genéticas para la producción de leche en el día de control y producción de leche a los 305 días de lactancia en vacas Lucerna**

JORGE LEONARDO LOPEZ MARTINEZ, LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA

¹ UNAL - Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

*Financiado por: Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

Introducción: el estudio de los parámetros genéticos de las características de producción (pdn) de leche de la raza colombiana Lucerna (LUC), son indispensables para obtener mayor conocimiento de la raza e implementar programas de mejoramiento genético, a fin de contribuir a la creación de sistemas de pdn competitivos y sostenibles en zonas donde dicha raza tiende a desarrollarse. Además la identificación de los factores no genéticos responsables de la variación de dichas características, permitirán que los programas de

mejoramiento genético se lleven a cabo y se tomen decisiones importantes de manejo en los mismos programas de mejoramiento. Objetivo: estimar las heredabilidades (h^2) y tendencias genéticas (TG) para la producción de leche en el día de control (PLDC) y producción a los 305 días de lactancia (PLD305) en el primer parto de vacas LUC, e identificar los factores responsables de su variación. Materiales y métodos: para el estudio se usaron registros de pdn de leche de vacas LUC nacidas entre los años 1982 y 2008, en el departamento del Valle del Cauca, Colombia. Los registros fueron depurados mediante SAS v 9.0, utilizando este mismo software para realizar el análisis estadístico descriptivo, el análisis de varianza y el cálculo de las TG para la PLDC y PLD305. Dichas características fueron analizadas mediante modelo animal uni característico, considerando para las PLDC los efectos aleatorios genético aditivo y residual, efecto fijo de grupo contemporáneo y, la edad de la vaca al parto (EV) y los días en lactancia como covariables; para la PLD305 se consideraron los mismos efectos a excepción de los días en lactancia. Los componentes de (co)varianza fueron estimados mediante el paquete MTDFREML. Resultados: la media de pdn inicial fue de 9.97 ± 2.50 kg, con un leve ascenso hasta el pico de lactancia presentado entre los días 31 y 60 de lactancia con pdn media de 10.04 ± 2.38 kg, después del cual tendió al descenso con un ligero incremento de pdn (7.13 ± 2.28 kg) entre los días 180 a 210 de lactancia, y pdn final de 5.50 ± 2.45 kg. La media para PLD305 fue de 2223.26 ± 522.42 kg. Las variables incluidas en el modelo fueron estadísticamente significativas (p

Palavras-chave: ganancia genética, mejoramiento genético, parámetros genéticos, raza colombiana

jollopezma@unal.edu.co

ID: 775-3 **Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche en el día de control y producción de leche a los 305 días en primeras lactancia de vacas Lucerna**

JORGE LEONARDO LOPEZ MARTINEZ, LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA

¹ UNAL - Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

*Financiado por: Universidad Nacional de Colombia sede Medellín

Introducción: la producción de leche a los 305 días de lactancia (PLD305) en bovinos de leche es el principal indicador zootécnico, a partir del cual se realiza el proceso de selección. Se ha propuesto el uso de los modelos en el día de control (TDM) buscando corregir los problemas cuando se evalúa la PLD305, mediante el uso de factores de corrección, los cuales no tienen en cuenta la variabilidad genética de la producción de leche (PL) en los bovinos a lo largo de la lactancia. En bovinos colombianos Lucerna (LUC) hasta el momento no se ha realizado evaluación genética con base en los TDM. Objetivo: verificar si existe variabilidad genética para la producción de leche en el día de control (PLDC) en LUC haciendo uso de los TDM, para saber si es posible establecer programas de selección para la PLDC y realizar mejoramiento genético en la PLD305. Materiales y métodos: el estudio se realizó a partir de registros de PL de vacas LUC localizadas en el departamento del Valle del Cauca, Colombia. Los mismos fueron depurados mediante SAS v 9.0. Las características (PLD305 y PLDC) fueron analizadas por medio de un modelo animal bi característico,

considerando para las PLDC los efectos aleatorios genético aditivo y residual, efecto fijo de grupo contemporáneo y, la edad de la vaca al parto y los días en lactancia como covariables; para la PLD305 se consideraron los mismos efectos a excepción de los días en lactancia. Los componentes de (co)varianza fueron estimados mediante el paquete MTDFREML. Para las características estudiadas se calculó el progreso genético (ΔG), la respuesta correlacionada de selección (RC) y la eficiencia relativa de selección (ER). Resultados: las heredabilidades (h^2) para cada PLDC oscilaron entre 0.09 a 0.25, con los valores más altos en el quinto (5to) y séptimo (7mo) control. Las correlaciones fenotípicas (r_p) entre cada PLDC fueron positivas con valores entre 0.18 y 0.95; las correlaciones genéticas (r_a) entre los mismos fueron igualmente positivos y con valores altos. Las r_a entre cada PLDC con la PLD305 fueron altas, con valores entre 0.91 a 1.00; las r_p entre los mismos fue de 0.60 a 0.83. La RC de la PLD305 cuando se selecciona con base en el 5to y 7mo control fue superior a si se selecciona con base en la PLD305. La ER fue igualmente superior para el 5to y 7mo control en comparación con la PLD305. Conclusión: los valores bajos de h^2 obtenidos para la mayoría de las PLDC indican que los mismos son altamente influenciados por factores ambientales, y su ΔG se ve limitado realizando selección directa sobre los mismos. Sin embargo, las PLDC 5 y 7 dada su h^2 de moderada magnitud, al igual que su RC y la ER, son útiles a la hora de usarlas como criterios de selección para la PLD305 en LUC, con el fin de aumentar el ΔG para la PLD305.

Palavras-chave: eficiencia relativa de selección, heredabilidad, modelos en el día de control, progreso genético, respuesta correlacionada

jollopezma@unal.edu.co

ID: 700-1 Desempenho de cordeiros do ecotipo Berganês e cruzados com Dorper terminados em dois sistemas: em confinamento e a pasto, no Sertão Pernambucano

JOÃO BANDEIRA DE MOURA NETO, JOSÉ NILTON MOREIRA, JOÃO JOSÉ SIMONI GOUVEIA, PAULO ALVES NOGUEIRA FILHO, ELLIO CELESTINO DE OLIVEIRA CHAGAS, MARIA NORMA RIBEIRO

¹ UFRPE - UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO, ² EMBRAPA SEMIÁRIDO - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, ³ UNIVASF - UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO, ⁴ IFSERTÃO-PE - INSTITUTO FEDERAL SERTÃO PERNAMBUCANO, ⁵ IPA - INSTITUTO AGRÔNOMICO DE PERNAMBUCO

*Financiado por: CNPq

A terminação de cordeiros de raças especializadas na produção de carne para abate vem sendo cada vez mais utilizada no nordeste brasileiro e dependendo da época do ano e do sistema de terminação os custos variam consideravelmente. Avaliou-se o ganho de peso e o custo de terminação de cordeiros Berganês e cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês em dois sistemas de terminação: em confinamento e a pasto, no Sertão Pernambucano. Este experimento foi realizado na Fazenda Sossego, município de Dormentes, no período de maio a julho de 2016. Foram utilizados 40 cordeiros castrados, com cinco meses de idade, com

peso médio de 27,0 Kg. Para o sistema de terminação em confinamento foram utilizadas baias individuais de tela, com oferta de silagem de sorgo e ração balanceada com 21,17% PB e 81,55% NDT, na proporção volumoso:concentrado de 50:50 na matéria seca, sendo as quantidades ajustadas diariamente de acordo com o consumo e desenvolvimento do animal, respeitando uma sobra de 10%. Os cordeiros no sistema a pasto tiveram livre acesso ao capim buffel e ração balanceada (mesma formulação do confinamento em qualidade e quantidade). Tratamento 1 = 10 cordeiros Berganês em Confinamento; Tratamento 2 = 10 cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês em Confinamento; Tratamento 3 = 10 cordeiros Berganês à Pasto; Tratamento 4 = 10 cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês à Pasto. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado com modelo fatorial 2X2. Ao final dos 70 dias de experimento, os cordeiros atingiram o peso vivo final médio de 41,5 Kg, um ganho de peso total médio de 14,8 Kg e um ganho de peso diário de 211 gramas por dia. Apesar dos excelentes ganhos, estas variáveis não apresentaram diferenças nem com relação aos genótipos e nem quanto ao sistema de terminação. Este resultado pode ser justificado pelo equilíbrio entre os genótipos, pelo adequado ajuste na oferta de silagem e pela boa qualidade e disponibilidade do capim buffel, demonstrando que nenhum dos tratamentos teve restrição alimentar. Entretanto, quando foi feito o levantamento dos gastos com a alimentação nos dois sistemas, foi verificada diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade. O custo de terminação no sistema a pasto foi menor em 51,39%, pois foi contabilizado apenas o custo da ração balanceada utilizada no período de R\$525,00. O sistema de terminação em confinamento apresentou um custo elevado (R\$1.080,00), principalmente devido ao custo da silagem que se somou ao custo da ração. O genótipo berganês se apresenta como excelente alternativa de cordeiros para produção de carne e a terminação de cordeiros a pasto mostrou ser mais eficiente e econômico nesta época do ano, quando ainda há uma boa oferta de capim buffel de qualidade no pasto.

Palavras-chave: borregos, ganho de peso, genótipos, semiárido, terminação de ovinos

joaobandeira.neto@hotmail.com

ID: 777-2 **Estimación de parámetros genéticos para circunferencia escrotal en toretes de la raza Brahmán Blanco en Puerto Berrio Antioquia.**

NATALIA ANDREA MARÍN GARZÓN, BRYAN ALEXIS OSORIO MEJÍA, LUIS MIGUEL LÓPEZ CASTILLO, DANIEL CARDONA CIFUENTES, DANIEL FERNANDO SERNA GÓMEZ, DIANA MARÍA BOLIVAR VERGARA, LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA

¹ unal - Universidad Nacional de Colombia

Introducción: La baja eficiencia reproductiva es un problema en la ganadería de carne, por ende los programas de mejoramiento genético deben orientarse a características reproductivas que permitan aumentar la productividad de los hatos. Se ha reportado alta correlación genética entre circunferencia escrotal (CE) y el inicio de la pubertad de las hijas, por lo que la CE, podría servir como criterio de selección, con la ventaja de disminuir el intervalo generacional y por ende, aumentar el progreso genético, siempre y cuando la estimativa de heredabilidad (h^2) sea entre moderada y media y exista una alta correlación

genética con las características reproductivas. Objetivo: Estimar parámetros genéticos para circunferencia escrotal en toretes de raza Brahman blanco (BB), buscando determinar si esta característica es susceptible a la selección. Materiales y métodos: Fueron evaluadas CE de 746 animales BB de la hacienda San Juan de Bedouth, ubicada en el Municipio de Puerto Berrio Antioquia, nacidos y evaluados entre los años 2005-2013 y 2008-2015, respectivamente, con edades a la evaluación entre 17,5 y 32 meses. Se crearon 76 grupos contemporáneos, que reunieron año, mes de nacimiento y año de evaluación, cada uno de ellos con al menos 5 animales. La consistencia de datos y estadística descriptiva, fue realizada en el software SAS 9.4, y a través del procedimiento PROC GLM se analizó el efecto de la edad a la evaluación (EE), peso al destete (PD) y grupo contemporáneo (GC), sobre la CE, siguiendo el modelo $CE=EE+PD+GC$. El valor genético y h^2 para circunferencia escrotal, así como los componentes de varianza, fueron estimados en un análisis univariado usando modelo animal, empleando el software MTDFREML. Resultados: Los animales evaluados presentaron una media para circunferencia escrotal de 31.5 ± 2.9 cm, con edad a la evaluación media de 23.72 ± 2.75 meses, y pesos al destete promedio de 242.87 ± 48.95 kg. Las variables de estudio mostraron tener un efecto significativo sobre la CE (P)

Palavras-chave: correlación, eficiencia reproductiva, heredabilidad, selección, valor genético

namaring@unal.edu.co

ID: 788-1 **Comportamiento reproductivo de conejos expuestos a hembras de la raza California en un sistema intensivo**

RAÚL JAVIER ARONÉS QUISPE, RAYMUNDO RODRÍGUEZ DE LARA, RAYMUNDO RANGEL SANTOS, DEMETRIO AMBRIZ GARCÍA, JOSÉ ARTEMIO CADENA MENESES

¹ UACH - Universidad Autónoma Chapingo, ² UAM - Universidad Autónoma Metropolitana, ³ UNSCH - Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga.

*Financiado por: Universidad Autónoma Chapingo

Introducción: Se ha demostrado que la exposición de hembras a machos mejora la libido y calidad de semen de machos de la raza Nueva Zelanda. Al realizar la inseminación artificial, estas características mejoran la productividad y la rentabilidad de la granja. Objetivo: Evaluar la exposición de hembras a machos de la raza California en un sistema de manejo reproductivo intensivo como bioestímulo para mejorar sus potenciales reproductivos. Materiales y métodos: Durante el 29 de junio al 10 de agosto de 2015 se evaluó el comportamiento reproductivo de 24 machos adultos de 18 meses de edad en "Conejos" Centro de Investigación Científica del Estado de México A. C., México. Los animales fueron asignados completamente al azar a dos tratamientos: 1) sin exposición de hembras o grupo control y; 2) con exposición de hembras durante 24 horas antes de la colección de semen. El diseño experimental fue completamente al azar con 12 repeticiones por tratamiento y la unidad experimental fue el conejo. El estudio consistió de 11 sesiones donde los machos fueron sometidos a dos colectas de semen por semana y dos eyaculaciones por colecta. El

análisis de varianza fue bajo un modelo mixto: tratamiento, orden de eyaculado y primer orden de interacción fueron fijos; y, efectos aleatorios de conejos, peso de los machos en cada colección y sesión como covariables. Resultados: No se encontraron efectos ($p > 0.05$) de tratamiento en la libido, características seminales y espermáticas y de cinética de espermatozoides pero en el orden de eyaculado fue significativo (p

Palavras-chave: Exposición de hembras, Comportamiento reproductivo, Conejos , Macho, California

raularones@hotmail.com

ID: 157-3 Custos parciais da terminação de ovinos de diferentes grupos genéticos obtidos em dois cenários no nordeste brasileiro

FRANCISCA THAIS BEZERRA DE MOURA FERRO, ADAILTON CAMÊLO COSTA, JOÃO DOS SANTOS GOMES, LUIZA DE NAZARÉ CARNEIRO DA SILVA, TIBERYO MENDES BRITO, TEREZA CRISTINA LACERDA GOMES, ALINE VIEIRA LANDIM, HELIO HENRIQUE DE ARAUJO COSTA

¹ UVA - Universidade Estadual Vale do Acaraú

A ovinocultura brasileira está voltada principalmente a produção de cordeiros e fornecimento de carcaças para o mercado consumidor. A avaliação dos custos de produção é necessária para a gestão e funcionamento adequado do sistema de produção. Assim objetivou-se avaliar os custos parciais da terminação de ovinos de diferentes grupos genéticos em dois cenários no semiárido brasileiro. A pesquisa foi desenvolvida na Fazenda Experimental da Universidade Estadual Vale do Acaraú-UVA, em Sobral-CE. Foram utilizados 30 cordeiros, machos e fêmeas, que tiveram como base materna matrizes Morada Nova e acasalados com reprodutores Morada Nova (MMF1), Rabo Largo (RBF1) e Santa Inês (SIF1). Os animais foram terminados em pasto nativo de caatinga raleada, e suplementados no final da tarde com capim canarana erecta lisa (*Echinochloa* sp), fornecida no cocho ad libitum e concentrado à base de milho, farelo de soja, e calcário, formulada conforme as recomendações do NRC(2007), com água e sal mineral à vontade. Os animais foram abatidos ao atingirem peso médio de 24 kg. Os parâmetros econômicos foram calculados para dois cenários: venda de animais vivos (I) e venda de carcaça quente (II). No cenário I os custos parciais abrangeram os seguintes itens: aquisição de animais, dieta, arrendamento da terra (custo fixo). No cenário II o cálculo dos custos além dos custos com alimentação e mão de obra, foram adicionados os custos com mão de obra para o abate dos animais, que foi obtido multiplicando-se: quantidade de trabalhadores, quantidade de horas trabalhadas por dia/trabalhador e valor da diária, considerando que o valor da diária era de R\$ 50,00. O valor total dos custos com o abate foi dividido de forma proporcional pela quantidade de tratamentos. Para o primeiro cenário foram os seguintes custos parciais para os tratamentos MNF1, RBF1 e SIF1, foram respectivamente R\$1.280,58, R\$1.301,72 e R\$1.421,76/lote. O tratamento que apresentou maiores custos parciais foi o tratamento SIF1, devido o maior porte dos animais e maior consumo de volumoso e concentrado em quando comparado aos demais tratamentos. No segundo cenário os grupos genéticos MNF1, RBF1 e SIF1, apresentaram os custos parciais R\$ 1.313,92, R\$ 1.335,06 e R\$ 1.455,10/lote,

respectivamente, apresentando maiores custos parciais quando comparado ao cenário I devido a inclusão dos custos com mão de obra para o abate dos animais. O grupo genético com uso da raça Morada Nova apresentou menor custo de produção parcial, devido o menor porte e reduzido consumo de alimento nos cenários I e II. Nas condições deste estudo, o grupo genético que apresentou menor custo de produção foi o Morada Nova x Morada Nova na venda de animais vivo e na carcaça.

Palavras-chave: ovinocultura, análise econômica, custos de produção

thaisferro36@gmail.com

ID: 88-1 Avaliação da persistência de lactação, produção de leite e duração de lactação em búfalas da raça Murrah.

MARINA ARRUDA PANTALEÃO, RAMON DUARTE NEVES, RAFAEL RODRIGUES DA SILVA, SÔNIA MARIA PINHEIRO DE OLIVEIRA

¹ UFC - Universidade Federal do Ceará, ² PMCC - Prefeitura Municipal de Canaã dos Carajás

Os búfalos se destacam pela rusticidade, docilidade e adaptabilidade, o que contribui para a criação desses animais. O objetivo foi avaliar diferentes mensurações de persistência da lactação, a fim de definir a mensuração mais adequada para ser utilizada como critério de seleção fenotípico em búfalas leiteiras da raça Murrah (*Bubalus bubalis*) no estado do Ceará. O arquivo analisado continha 825 registros de produção de leite no dia do controle com 110 lactações de 100 búfalas. As variáveis Persistência de Lactação (*Pj*), Produção de Leite Total (*PLT*) e Duração de Lactação (*DL*) foram submetidas à análise de variância conforme um modelo unicaracterístico. Os efeitos considerados foram: ano, estação e ordem de parto; classe de dia em lactação no pico, estação e produção no pico. Para comparação dos níveis de cada variável classificatória quando esta influenciou a variável resposta, foi adotado o teste de Tukey ao nível de 5% de significância. Utilizou-se o procedimento General Linear Model (GLM) do pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS). A estimação da produção de leite no decorrer da lactação foi obtida a partir da função proposta por Dave (1971), que promoveu um bom ajuste dos valores de produção de leite até 305 dias ($R^2=0,80$). A produção de leite se inicia com 3,50 kg, com o pico próximo aos 90 dias com 3,88 kg, persiste até os 150 dias de lactação e decresce até atingir 2,90 kg. As médias de produção de leite mensais não apresentaram declínio brusco, caracterizando uma persistência da lactação desejável. A partir do sétimo mês em lactação foram encontradas as maiores reduções da produção de leite, período médio de encerramento da lactação (228,85 dias). A média mensal de redução da produção de leite foi de 5,93%, marcando a característica de persistência da lactação. A produção de leite foi cerca de 35% a 55% de todo o leite da lactação nos meses de pico. As médias de cada mês da produção de leite acumulada em relação ao pico, de modo geral, foram muito semelhantes (entre 7,76% e 11,70%). A média de produção de leite total no ano de 2010 ($827,20 \pm 273,26$ kg) foi superior à obtida em 2009 ($770,08 \pm 262,50$ kg) com uma duração de lactação inferior ($220,10 \pm 50,80$ e $232,03 \pm 48,25$ dias, respectivamente). As matrizes bubalinas avaliadas mostraram elevada persistência da lactação, apesar de apresentarem baixa produção de leite. A produção de leite total

utilizada como critério de seleção propiciará ganhos genéticos positivos para o rebanho.

Palavras-chave: Búfala, Lactação, Murrah, Persistência, Produção

marinaapantaleao@gmail.com

ID: 24-1 Características produtivas e reprodutivas e herdabilidade de búfalas da raça murrah no litoral cearense

RAFAEL RODRIGUES DA SILVA, RAMON DUARTE NEVES, MARINA ARRUDA PANTALEÃO, SONIA MARIA PINHEIRO DE OLIVEIRA

¹ UFC - Universidade Federal do Ceará, ² PMCC - Prefeitura Municipal de Canaã dos Carajás

*Financiado por: CNPq

Os bubalinos apresentam-se como animais que se adaptam a diferentes condições climáticas, além de serem muito dóceis, o que facilita seu manejo e torna a cadeia mais atrativa. Assim objetivou-se com esse estudo, avaliar as características produtivas e reprodutivas e a herdabilidade de búfalas da raça murrah criadas no litoral cearense. Utilizaram-se 1670 registros de produção de leite referentes a 366 lactações de 240 búfalas, da raça Murrah (*Bubalus bubalis*), controladas de setembro de 1995 a março 2011, pertencentes a um rebanho, localizado em Paracuru, Ceará. Após algumas restrições, o arquivo analisado continha 825 registros de produção de leite no dia do controle com 110 lactações de 100 búfalas. As características produtivas avaliadas foram Produção de Leite Total (PLT), Produção de Leite no Pico (PP) e Duração da Lactação (DL) e as características reprodutivas foram Idade ao Primeiro Parto (IPP) e Intervalo de Partos (IDP). Para as características PLT e IDP, foram consideradas apenas a primeira lactação e o primeiro intervalo de partos, respectivamente. As análises foram realizadas utilizando-se o pacote estatístico Statistical Analysis System (SAS Institute IC., 2007). As estimativas de herdabilidade foram obtidas por meio da análise unicaracterística, empregando-se o método da máxima verossimilhança restrita livre de derivada (DFREML), por meio de modelo animal, utilizando-se o aplicativo Multiple Traits Derivate Free Restrict Maximum Likelihood (MTDFREML, 1995). A PLT e PP obtidas foram de $786,86 \pm 210,24$ e $4,90 \pm 1,13$ kg, respectivamente e a DL média foi de $228,85 \pm 46,05$ dias. As médias de IPP e IDP observadas foram de $36,41 \pm 7,12$ meses e $431,06 \pm 11,54$ dias. As estimativas de herdabilidade observadas para a PLT, PP e DL foram $0,28 \pm 0,12$, $0,19 \pm 0,09$ e $0,07 \pm 0,03$, respectivamente. E para IPP e IDP as herdabilidades obtidas foram $0,35 \pm 0,08$ e $0,04 \pm 0,14$, respectivamente. A produção de leite total e a idade ao primeiro parto se utilizadas como critério de seleção, propiciarão ganhos genéticos positivos para o rebanho, em virtude da sua boa herdabilidade, o que indica a existência de variabilidade genética aditiva para essas características.

Palavras-chave: Bubalinos, Herdabilidade, Produção de Leite

rafaelrodrigues@alu.ufc.br

ID: 753-2 **Avaliação das medidas de perímetros em equinos marchadores da Raça Campolina**

FERNANDA NASCIMENTO DE GODOI, CHIARA ALBANO DE ARAÚJO OLIVEIRA, RAPHAEL BERMAL COSTA, IANA ISABEL CARVALHO DE JESUS, ADRIELE SILVA DE SOUSA, ALANA LACERDA SANTOS, BEATRIZ BASTOS SENES, ISADORA DE PAIVA SANTANA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia

As características morfométricas nos equinos possuem herdabilidade de moderada a alta, ou seja, quanto maior a herdabilidade, maior a correlação entre fenótipo e genótipo. A mensuração dos animais é de grande utilidade para a apreciação dos equinos com base na conformação e ainda pode ser utilizada como ferramenta para selecionar potros de acordo com a aptidão, já que os resultados dos concursos hípicas são tardios. Objetivou-se avaliar as medidas de perímetros nos equinos da raça Campolina, nos sexos e nos diferentes andamentos. Foram utilizados 106 equinos marchadores da raça Campolina, sendo 50 machos e 56 fêmeas, desses 70 animais apresentavam o andamento de marcha batida e 36 de marcha picada. Esses animais participaram da VI Exposição Brasileira do Cavalo Campolina, Feira de Santana-BA, Brasil. Todas as mensurações foram realizadas do lado direito do animal em estação forçada, ou seja, com os membros torácicos e pélvicos na perpendicular sobre um solo plano, utilizando fita métrica. As medidas de perímetros avaliadas foram: torácico; da frente; do chanfro; do pescoço cranial (mensurado na base cranial do pescoço); do pescoço caudal (mensurado na base caudal do pescoço); do antebraço; do joelho; da canela; do boleto e da quartela, todos mensurados no membro torácico direito. Os dados foram analisados utilizando estatística descrita e, posteriormente, foi realizada análise de variância pelo procedimento GLM do programa SAS. As mensurações realizadas na cabeça e no pescoço dos equinos avaliados apresentaram efeito de sexo (P

Palavras-chave: andamento, cavalo, marcha, morfologia, seleção

fernandagodoi@gmail.com

ID: 735-1 **ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA CURVAS DE CRESCIMENTO EM SUÍNOS VIA INFERÊNCIA BAYESIANA**

SIRLENE FERNANDES LÁZARO, PAULO SÁVIO LOPES, LUIS VARONA, NOELIA IBÁÑEZ-ESCRICHE, FABYANO FONSECA E SILVA, LAIS COSTA BRITO, SIMONE ELIZA FACIONI GUIMARÃES

¹ UFV - Universidade Federal de Viçosa, ² UNIZAR - Universidad de Zaragoza, ³ IRTA - Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias

*Financiado por: CAPES-DGU, CNPq, FAPEMIG.

Curvas de crescimento de suínos podem ser modeladas por diferentes funções matemáticas (Ex. Logística,

Von Bertalanffy, Gompertz), as quais apresentam um número reduzido de parâmetros com interpretações biológicas, como por exemplo velocidade de crescimento (parâmetro "k") e peso à maturidade (parâmetro "a"). Portanto, alterações desejáveis na forma das curvas podem ser obtidas ao se considerar as estimativas destes parâmetros como observações fenotípicas em modelos estatísticos de avaliação genética. Atualmente, dada a importância das informações genômicas para o Melhoramento Animal, a utilização destes fenótipos pode ser expandida para modelos mais sofisticados, tais como os de Associação Genômica Ampla (Genome Wide Association Study - GWAS). Neste sentido, foi proposto um estudo de associação genômica para curvas de crescimento de suínos utilizando modelos hierárquicos Bayesianos. Utilizou-se um painel de 237 marcadores SNPs conjuntamente com o pedigree objetivando identificar possíveis regiões cromossômicas que afetam os parâmetros da curva de crescimento (dados de peso-idade) de 345 animais (população F2 proveniente do cruzamento Piau vs comercial). No modelo proposto, assumiu-se uma trajetória de crescimento individual descrita pela função não linear de Gompertz, de forma que as estimativas de cada parâmetro desta função possam ser influenciadas pelos efeitos poligênicos aditivos, sistemáticos e dos marcadores SNPs. Ao considerar apenas marcadores que explicaram mais que 0,5% do total da variância genética, foram obtidos os seguintes resultados: 22 SNPs influenciaram o parâmetro "a" e 26 o parâmetro "k". Os SNPs que explicaram maior porcentagem da variância para o parâmetro "k" foram associados com o ganho médio diário, aproximadamente 23% destes SNPs estavam localizados no SSC7. Foram identificados três SNPs relevantes (55840514 bp no SSC17, 55814469 no SSC17 e 76475804 no SSC X) que influenciaram, simultaneamente, os parâmetros "a" e "k". Também foram encontrados três SNPs afetando apenas "a" (292758 bp no SSC1, 67319 bp no SSC8 e 50290193 bp no SSC17) localizados em regiões cromossômicas associadas com peso a maturidade que ainda não foram previamente reportados na literatura. De forma geral, a modelagem utilizada foi efetiva, e resultou na identificação de marcadores SNPs localizados em regiões cromossômicas específicas que apresentam potencial para serem exploradas em programas de melhoramento via seleção assistida por marcadores.

Palavras-chave: Gompertz, marcadores SNP, modelo hierárquico

plopes@ufv.br

ID: 735-2 Effects of dietary lysine and genetic groups on quantitative traits of finishing pigs

ROGÉRIO DE CARVALHO VELOSO, PAULO SÁVIO LOPES, MÁRCIO DE SOUZA DUARTE, FABYANO FONSECA E SILVA, ALYSSON SARAIVA, SIMONE ELIZA FACIONI GUIMARÃES, EDSON VINICIUS COSTA, EDERSON GOMES CAMARGO

¹ UFV - Universidade Federal de Viçosa

*Financiado por: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

Selection of genotypes for high performance led to a fat level reduction and loss of meat quality as consequence. An alternative to improve meat quality is the crossbreeding of non-selected local pig breed,

such as Piau, with improved breeds such as Duroc, Pietrain and Large White. However, growth rate and fat deposition differences in pigs indicate that genetic groups have different nutritional needs. Genetic and environment are important in expression of performance and meat quality traits, mainly when variations in deposition of lean and fat tissue rates are observed. In this work, we aimed to evaluate the effects of paternal genetic group (Piau, Duroc-based and Pietrain) and nutritional plans with different digestible lysine levels (Low, Medium and High) on performance, carcass and meat quality traits in Longissimus muscle of pigs. A total of 52 barrows averaging 25.44 kg of initial body weight and 50 gilts averaging 24.14 kg of initial body weight at 70 days of age were used and each animal was considered as an experimental unit. Pigs from each genetic group were randomly assign to three nutritional plans based on digestible lysine (DL) levels as follows: Low (7g DL fed from 70 to 98 days of age; 6g DL fed from 99 to 134 days of age; and 5g DL 135 to 156 days of age), Medium (9g DL fed from 70 to 98 days of age; 8g DL fed from 99 to 134 days of age; 7g DL 135 to 156 days of age), and High (11g DL fed from 70 to 98 days of age; 10g DL fed from 99 to 134 days of age; and 9g DL 135 to 156 days of age). The pigs were slaughtered at 156 days of age after 16 h of fasting. Pre-harvest handling and slaughtering procedures was in accordance with good animal welfare practices. Following the postmortem chill, carcasses were weighed to obtain the values of cold carcass and trimmed cuts yields. At the end of carcass fabrication, a boneless Longissimus section 12 cm thick was collected for evaluation of meat quality traits. All analyses were performed using proc Mixed procedure of Statistical Analysis System, version 9.4 and means were compared by Tukey`s test and differences were considered at $P \leq 0.05$. Pietrain and Duroc crossbred barrows and gilts were similar in performance and carcass traits and had greatest values compared to Piau crossbred pigs. Regarding the meat quality, drip loss was greater in Pietrain crossbred barrows and gilts compared to Duroc and Piau crossbred pigs. Daily digestible lysine intake was greater in High nutritional plan animals in relation to Medium and Low nutritional plans. Most of performance, carcass and meat quality traits evaluated in barrows and gilts were not affected by nutritional plans. In general, Duroc and Pietrain crossbred pigs had greater performance and carcass rate compared to Piau crossbred pigs.

Palavras-chave: crossbreeding, nutritional plan, Duroc, Pietrain, Piau

plopes@ufv.br

ID: 778-1 **Greater density of sweat glands in the skin of Puerto Rican Slick-hair Holstein cattle**

ASHLEY N. RIERA-BLANCO, JOAN M. PATIÑO-CHAPARRO, ESBAL JIMENEZ

¹ UPRM - Universidad de Puerto Rico - Mayaguez

In Puerto Rico, Holstein cattle had been phenotypically identified with short hair. This variant in hair length and morphology is due to a cytosine deletion in exon 10 of the prolactin receptor gene. Presently, it has become widely used the term slick hair cattle (SH) for animals with this genotype. Previous studies had demonstrated that SH cows from countries such as Venezuela (Carora) and the United States (Holsten X Senepol crosses) have better thermotolerance response in tropical climates and that these cows had higher

sweat and lower respiration rates than wild type Holstein cows. SH Holstein cows from Puerto Rico demonstrated lesser vaginal temperatures when compared to wild type Holstein (WT). Higher thermotolerance capacity presented by SH cows may be due to differences in skin anatomy associated with the heat dissipation process. Therefore, the objective of this investigation was to determine if histological differences exist between the skin of SH and WT, Puerto Rican Holstein cows. Fifteen previously genotyped Holstein cows were used; ten WT and five SH. A skin biopsy (3.5 mm) was obtained from the rump of each cow. Tissues were fixed and embedded in paraffin, then sectioned at 5µm and finally stained with hematoxylin and eosin. The slides were visualized under a microscope at 45X and an area of 2,800 µm² was selected in these images to calculate the percentage of area covered by sweat glands. ImageJ Software was used to determine the area of sweat glands which was then divided by the total area. The percentage of area covered by sweat glands was greater ($p=0.05$) in the skin of SH Holstein cows than WT cows ($7.3 \pm 0.8\%$ and $4.9 \pm 0.7 \%$, respectively). A greater percentage of skin area covered by sweat glands in these SH animals may be a morphological adaptation for better thermotolerance.

Palavras-chave: slick hair, Puerto Rican Holstein, sweat glands, skin

ashley.riera@upr.edu

ID: 615-2 **Diversidade alélica do gene GoLA-DRB3 em caprinos leiteiros utilizando PCR-RFLP**

LUCIANA FLORÊNCIO VILAÇA, ANIDENE CHRISTINA ALVES DE MORAES, ELIZABETE CRISTINA DA SILVA, FERNANDO LUCAS TORRES MESQUITA, ELIZABETE RODRIGUES DA SILVA, KLEBER RÉGIS SANTORO, ÂNGELA MARIA VIEIRA BATISTA, SEVERINO BENONE PAES BARBOSA

¹ UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco, ² UFRPE/UAG - Universidade Federal Rural de Pernambuco - Unidade Acadêmica de Garanhuns, ³ IPA - Sertânia - Instituto Agrônomo de Pernambuco

*Financiado por: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq/Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia de Pernambuco - FACEPE

O *Goat Lymphocyte Antigen* (GoLA) é uma região do genoma caprino que desempenha um papel vital na resposta imunológica dos indivíduos aos agentes infecciosos, sendo o segundo éxon do gene DRB (GoLA-DRB3*2), um dos mais bem caracterizado devido ao seu elevado polimorfismo. Esse trabalho teve por objetivo a identificação dos polimorfismos do segundo éxon do gene GoLA-DRB3*2 em cabras leiteiras. Foram utilizadas amostras de leite de 189 matrizes em diferentes rebanhos localizados nos Estados de Pernambuco (PE) (rebanhos A e B; $n = 90$) e Paraíba (PB) (rebanhos C, D, E, F e G; $n = 99$). O período de coleta foi de julho de 2014 a julho de 2015, sendo o DNA genômico extraídos de amostras de leite pelo método sílica/isotiocianato de guanidina, sendo amplificados pela técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR). Os fragmentos amplificados foram digeridos pela enzima PstI, para identificação da variação alélica. A ocorrência de homozigose foi verificada pela observação direta dos fragmentos produtos amplificados ($P = 226/44/15$ pb; $p = 270/15$ pb) submetidos à eletroforese em gel de agarose 3%. Após identificação e

atribuição dos alelos aos animais (genótipos) foram calculadas a heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) e o teste do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) utilizando o software Arlequin versão 3.5.2.2. A frequência alélica encontrada para a população total avaliada foi de $P = 0,65$ e $p = 0,35$, sendo as frequências dos genótipos: 0,640 (PP), 0,016 (Pp) e 0,344 (pp). O alelo P foi encontrado em maior quantidade no rebanho da Paraíba (0,843) quando comparado com o de Pernambuco (0,433). A análise dos parâmetros de variabilidade genética mostrou uma H_o menor que a H_e em todas as populações, indicando uma menor quantidade de heterozigotos na população do que o esperado pelo EHW, o que pode ocasionar endogamia ou fixação de alelos. Os valores de H_o encontrados para os rebanhos de Pernambuco e Paraíba foram de 0,010 e 0,022, respectivamente. Os rebanhos de PE apresentaram maior H_e (0,494), e o da PB obteve uma $H_e = 0,265$. Os resultados mostram que todos os rebanhos avaliados encontraram-se fora do EHW (p

Palavras-chave: Cabras leiteiras, Genética molecular, Genética populacional, PCR, Polimorfismo

luciana-vilaca@hotmail.com

ID: 419-3 **Genetic correlation of scrotal circumference with female reproductive performance in Nelore cattle**

PATRÍCIA IANA SCHMIDT, GABRIEL SOARES CAMPOS, VIVIANE VASCONCELOS DE LACERDA, FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA, VANERLEI MOZAQUATRO ROSO, ARIONE AUGUSTI BOLIGON

¹ UFPEL - Federal University of Pelotas, ² Gensys - GenSys Associates and Consultants S/S Ltda

*Financiado por: FAPERGS

The importance of working with herds of high sexual precocity and fertility is evident, but the reproductive performance is considered one of the most critical points of a livestock breeding system. Thus, studies on genetic relationships between reproductive efficiency traits are relevant. The objective of this study was to estimate the heritability for scrotal circumference at yearling (SC), gestation length (GL), days to calving (DC) and calving interval (CI), besides genetic associations between SC and traits measured in females. The data used in this study came from the breeding program provided by Conexão Delta G, totaling 136,099 (SC), 194,440 (GL), 137,624 (DC) and 69.296 (CI) measurements. For traits measures in females were used repeated measures belonging to 194,440 (GL), 137,624 (DC) and 69.296 (CI) cows. Contemporary groups (CG) and covariates were included as systematic effects in the models. The definitions of CG were as following: SC: farm, year and season of birth and management group at yearling; GL and CI: farm, year and season of birth and sex of calf; DC: farm, year, season of birth, sex of calf and breeding date. Female age at measurement was included as a covariate (linear and quadratic effects) for all measured traits directly in cows. For SC, the age of animal at measurement and age of dam at calving were considered as covariate (linear and quadratic effects). As random effects were included the direct additive genetic, animal permanent environment (only for GL, DC and CI) and residual. The (co)variances components and genetic parameters

were estimated by Bayesian inference, using bivariate analysis and a linear animal model. For analysis purposes, residual correlations between SC and female reproduction traits were fixed at zero, as these traits are measured on different animals. Chains with length of 600,000 cycles were generated, in which the first 200,000 cycles were discarded (burn-in). Heritability estimate for SC (0.40 ± 0.01) confirms the moderate influence of additive genetic effects on this trait. For the traits measured directly in females, heritability ranging from low (0.18 ± 0.01 for GL and 0.10 ± 0.01 for DC) to null (0.06 ± 0.00 for CI) values. Low and negative genetic correlations were estimated between SC with GL (-0.11 ± 0.02), DC (-0.08 ± 0.03) and CI (-0.05 ± 0.04) indicating that selection for SC would result in little or no response in the females reproductive traits. Thus, the use of sire breeding values for cows' reproductive traits is an alternative to improve the reproductive performance of female cattle.

Palavras-chave: beef cattle, calving interval, days to calving, gestation length, heritability

pati.iana@hotmail.com

ID: 333-3 A evolução da raça Santa Inês de exposição ao longo dos últimos anos.

DANIEL DE LELIS PESSOA BEZERRA, VALDI DE LIMA JUNIOR, BRENDA KARISA CAMPOS DE MELO, ALEXANDRE CAMPOS TEIXEIRA, VICTOR HENNEG CAMPELO DE LIMA, INGRID LAISE SILVESTRE DE OLIVEIRA

¹ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ² UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ³ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ⁴ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ⁵ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ⁶ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ⁷ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ⁸ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte

*Financiado por: Universidade Federal do Rio Grande do Norte

A raça Santa Inês foi desenvolvida no nordeste brasileiro a partir de cruzamentos entre raças exóticas e nativas, apresentando assim boa adaptabilidade à região. A morfometria de uma raça é importante, pois contribui para a sua caracterização, como também é importante em animais produtores de carne, pois as medidas morfométricas são ligadas com o rendimento de carcaça e a capacidade digestiva e respiratória dos animais. O estudo do desenvolvimento da morfometria de animais de genética superior em função dos anos pode vir a esclarecer dúvidas que surgiram com o passar do tempo na seleção da raça Santa Inês. Com este contexto, objetivou-se avaliar a morfometria de ovinos Santa Inês, que se destacaram em julgamentos na última década. Foram utilizadas morfometrias de 200 animais da raça Santa Inês, machos e fêmeas, com idade de 4 a 36 meses, oriundos de diversas regiões do País, registrados perante a ARCO (Associação Brasileira de Criadores de Ovinos). Os animais, de ambos os sexos, foram mensurados e pesados de modo a serem aferida a altura do anterior (AltA), altura do posterior (AltP), com ajuda de hipômetro em centímetros e somente nos machos foram aferidos o perímetro torácico (PT) e a circunferência escrotal (CE) pelo do uso

de fita métrica em centímetros. Os dados foram analisados estatisticamente com o auxílio do SAS, de modo a serem extraídas as médias e desvios padrões para todas as medidas corporais acima. Na avaliação dos dados percebe-se que houve um aumento na média das medidas corporais AltA e AltP das fêmeas e machos, principalmente de 2005 a 2009, as respectivas medias de AltA foram de $0,77 \pm 0,02$ no ano de 2005 e $0,78 \pm 0,03$ em 2009, as medias de AltP em 2005 foi $0,78 \pm 0,04$ e em 2009 de $0,78 \pm 0,02$. Média de AltA dos machos foi de $0,80 \pm 0,05$ em 2005, $0,86 \pm 0,02$ em 2009, já a média de AltP obtida em 2005 foi de $0,80 \pm 0,06$ e em 2009 $0,85 \pm 0,02$. A partir de 2009 houve uma diminuição nestas medidas, pois em 2010 a média de AltA dos machos foi de $0,82 \pm 0,04$, em 2012 caiu para $0,81 \pm 0,04$, nas fêmeas a mesma medida em 2010 teve média de $0,77 \pm 0,02$ e em 2012 $0,76 \pm 0,04$. Com relação à AltP nos machos no ano de 2010 obteve média $0,82 \pm 0,03$ em 2012 a média obtida foi de $0,81 \pm 0,04$, nas fêmeas a média em 2010 foi de $0,78 \pm 0,02$ em 2012 a média caiu para $0,76 \pm 0,05$. Em relação ao PT não houve aumento significativo com o passar dos anos, $1,17 \pm 0,13$ em 2005, e $1,19 \pm 0,11$ em 2010, visto que a capacidade digestória e respiratória, que são altamente relacionadas com esta característica, não se alteraram. A CE também não se alterou significativamente, em 2004 a média foi de $0,34 \pm 0,02$ em 2012 de $0,34 \pm 0,01$. Concluimos assim que as medidas morfométricas obtidas mostraram um aumento nos primeiros anos, e um decréscimo nos últimos anos.

Palavras-chave: Morfometria corporal , Ovinos, tamanho

brenacampos16@hotmail.com

ID: 809-2 **β -Lactoglobulina está asociada a valores de cría moleculares para producción de leche y razón de preñez en vacas Holstein de pelo corto y de pelo normal**

JOAN MARIE PATIÑO CHAPARRO, TAD SONSTERGARD, ESBAL JIMÉNEZ, MELVIN PAGÁN MORALES

¹ UPRM - Universidad de Puerto Rico - Recinto de Mayagüez, ² Acceligen - Acceligen Inc.

Se ha documentado que vacas Holstein con el pelo corto (PC) presentan mayores rendimientos de leche (PL) y menores intervalos entre partos (MIP) cuando se comparan con vacas de la misma raza y pelaje normal (PN) en climas tropicales (Puerto Rico) y sub-tropicales (Florida). Debido a que proteínas presentes en la leche [κ -caseína (KCN) , β -caseína (BCN) y β -lactoglobulina (BLG)] se han asociado a el volumen fluido de este producto (BLG), además de su composición y rendimiento en producción de queso (KCN, BCN, BLG), genotipos asociados a variantes proteicas de estas se incluyen por individual en pruebas genómicas comerciales. El objetivo del presente estudio fue determinar si BLG está asociada molecularmente a la superioridad productiva (PL) y reproductiva (MIP) del ganado PC. Un total de 227 vacas Holstein (PC=103, PN=124) de tres hatos lecheros en Puerto Rico fueron genotipificadas para BLG (genotipos AA, AB, BB). Además, se obtuvo valor de cría molecular (VCM) para las características de vida productiva, temperamento lechero, producción de leche, tasa de preñez y células somáticas mediante un panel comercial de marcadores moleculares (Igenity®, Corporación Neogen). Las frecuencias genotípicas observadas para BLG fueron: AA/0.29, AB/0.42, y BB/0.29, no observándose diferencias en distribución entre PC y PN (Chi2 P>.05). BLG

estuvo asociado con los VCM de tasa de preñez y producción de leche (P

Palavras-chave: BLG, Holstein, pelo corto

melvin.pagan1@upr.edu

ID: 160-2 USO DE MEDIDAS MORFOMÉTRICAS E MODELOS DE REGRESSÃO PARA A PREDIÇÃO DE PESO DE CAPRINOS DA RAÇA CANINDÉ

GEAN RAFAEL BARBOSA, BRUNO VINÍCIOS SILVA DE ARAÚJO, JOSÉ ERNANDES RUFINO DE SOUSA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, SAMUEL FREITAS NUNES, IONARA DÁRCYA LIMA DA COSTA, JOÃO PAULO SILVA LOPES, CARMEM RACKHEL MORAIS BARBOSA

¹ UFERSA - Universidade Federal Rural do Semi-árido

*Financiado por: Universidade Federal Rural do Semi-árido

Objetivou-se com este trabalho obter um modelo de regressão para estimar o peso vivo de caprinos da raça Canindé através das medidas morfométricas que apresentaram maior correlação linear com o peso. Foram avaliadas 330 fêmeas caprinas da raça Canindé adultas, pertencentes a três rebanhos localizados no estado do Rio Grande do Norte. As características avaliadas foram: peso corporal (PC) escore da condição corporal (EC), comprimento corporal (CC), altura de cernelha (AC), largura torácica (LT), profundidade torácica (PT), altura de garupa (AG), largura de íleo (LIL), largura de ísquio (LISQ), comprimento de garupa (CG), circunferência torácica (CT), altura de pata (AP), comprimento de cabeça (Ccb), largura de cabeça (Lcb) e comprimento de orelha (Co). Foram realizadas análises descritivas, correlação, e análise de regressão linear e quadrática. As variáveis que apresentaram maior correlação com o peso ($\geq 0,5$) foram CT, CC, PT e CG. O modelo de regressão quadrático foi o que melhor ajustou a variável CT, já o modelo de regressão linear ajustou adequadamente a variável CC. Morfometria é um instrumento de importância para conhecer e caracterizar o padrão de uma raça e o modelo de regressão quadrática foi o que mostrou-se mais adequado para prever o peso das fêmeas da raça Canindé.

Palavras-chave: Caracterização fenotípica, morfometria, raça localmente adaptadas

brunovinicios.araujo@hotmail.com

ID: 245-1 Análise multivariada aplicada à diversidade de genótipos caprinos para características de carcaça

LUCIANO SILVA SENA, VANESSA DOS SANTOS NERI, MAX BRANDÃO DE OLIVEIRA, TATIANA SARAIVA TORRES, LAYLSON DA SILVA BORGES, DIEGO HELCIAS CAVALCANTE, LUIZ ANTÔNIO FIGUEIREDO FILHO,

JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO

¹ UFPI - Universidade Federal do Piauí, ² IFMA - Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Maranhão

O rendimento de carcaça é uma característica diretamente relacionada à produção e comercialização de carne, podendo variar em função de fatores como genótipo, sexo, peso, idade, alimentação e manejo. As características quantitativas da carcaça podem contribuir para a qualidade do produto final, a carne. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade fenotípica para características de carcaça de 9 raças caprinas identificando os grupos genéticos de maior potencial para qualidade de carcaça. Foram coletadas as medidas de área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL) e espessura da gordura externa (EGE), por imagens de ultrassom, e foram atribuídos escores de condição corporal (1 a 5) em 215 caprinos das raças Graúna, Anglo Nubiana, Parda Alpina, Canindé, Moxotó, Marota, Azul, Repartida e Boer, em uma fazenda na cidade de Elesbão Veloso, Piauí. Calcularam-se as médias das medidas para cada raça e estas foram submetidas à análise de componentes principais (ACP), determinada pela matriz de correlação, e à análise de agrupamento (AA), adotando a distância euclidiana como medida de similaridade entre os elementos. Os métodos de ligação utilizados foram o simples, o de Ward, o completo e o da média (UPGMA). Utilizou-se o software R versão 3.2.1. Para a ACP, dos 5 componentes principais, apenas 1 apresentou autovalor inferior a 0,7. Os dois primeiros componentes foram selecionados explicando mais de 71,6% da variação total. Na ACP, os caprinos da raça Boer (exótica) se posicionaram no quadrante superior esquerdo, as raças Anglo Nubiana, Parda Alpina e Marota ficaram no quadrante superior direito, as raças Repartida, Graúna, Azul e Canindé no quadrante inferior direito e a raça Moxotó no quadrante inferior esquerdo. Na AA, o método UPGMA foi selecionado a partir da maior correlação co-fenética em relação aos demais métodos. Os dendrogramas gerados com valores de bootstrap acima de 70,0% mostraram a confiança no cluster. Foram formados 4 grupos, o primeiro composto pela raça Boer (96,0%), o segundo pelas raças Anglo Nubiana e Parda Alpina (95,0%), o terceiro com Azul e Marota (97,0%) e o quarto com as raças Moxotó, Repartida, Canindé e Graúna (97,0%). A ACP confirmou o resultado do UPGMA ao isolar a raça Boer, porém, não agrupou as raças Canindé, Azul, Repartida e Graúna em um mesmo cluster. O UPGMA obteve um resultado satisfatório na formação de grupos com uma alta homogeneidade interna. As raças Boer e Moxotó apresentaram maiores médias para todas as medidas avaliadas, se destacando como aquelas de maior potencial para produção de carne. Os métodos retrataram com êxito a diversidade entre as raças avaliadas de acordo com as características de carcaça.

Palavras-chave: Componentes principais, Diversidade fenotípica, Métodos de agrupamento

lucianosbj@hotmail.com

ID: 232-1 **Associação de polimorfismos do gene Lactoperoxidase com a produção de leite em bovinos da raça Girolando 5/8 e Holandês**

EDYJOELSON PHELIPE DE MORAIS LUNA, WELLISON JARLES DA SILVA DINIZ, LUCIANA FLORÊNCIO

VILAÇA, MARIA DAS DORES SILVA ARAÚJO, WELLINGTON BIZARRIA DOS SANTOS, KLEBER RÉGIS SANTORO, SEBASTIÃO INOCÊNCIO GUIDO, JÚLIO CÉSAR VIEIRA DE OLIVEIRA

¹ UFRPE/UAG - Universidade Federal Rural de Pernambuco - Unidade Acadêmica de Garanhuns, ² UFSCAR - Universidade Federal de São Carlos, ³ IPA-ARCOVERDE - Instituto Agrônomo de Pernambuco, ⁴ IPA- SÃO BENTO DO UNA - Instituto Agrônomo de Pernambuco

*Financiado por: CNPq (505912/2008-2).

Problemas na sanidade animal prejudicam o desempenho produtivo. A mastite acarreta prejuízos na redução da produtividade, compromete a qualidade do leite e os gastos com medicamentos. O gene Lactoperoxidase (LPO) está ligado a funções bactericidas, associado a resistência à mastite e a produção de leite, tornando-o gene candidato para identificação de marcadores genéticos. Entretanto, estas associações em rebanhos no estado de Pernambuco são desconhecidas. Assim, este trabalho teve por objetivo avaliar os polimorfismos e associá-los à produção de leite em animais da raça Girolando e Holandês no estado de Pernambuco. Foram coletadas 38.040 observações de produção de leite diária em litros (média $20,73 \pm 6,65$) no período de 2006 a 2014, provenientes de 119 animais pertencentes ao Instituto Agrônomo de Pernambuco, dos quais 37 da raça Holandesa e 82 da raça Girolando. Foram realizadas coletas de sangue total, extrações do DNA e em seguida a técnica PCR-SSCP. Os polimorfismos foram observados em gel de poliacrilamida e fotodocumentados. As análises associaram os polimorfismos a produção de leite, utilizando um modelo linear misto pelo procedimento MIXED do SAS 9.3, por meio de um modelo de substituição gênica que estimou o efeito de cada genótipo, depois da remoção dos efeitos aditivos de outros genótipos do animal. As diferenças entre os valores dos perfis médios dos padrões foram testadas por meio do test t (LSD) a 5% probabilidade. A análise de variância para os efeitos do padrão genético e variáveis climáticas foram: precipitação, temperatura média, umidade relativa média, ambos não foram significativos sobre a produção de leite (l/dia) para ambos os rebanhos. Temos como variáveis de influência: o genótipo, ano e mês. As frequências genotípicas observadas resultaram em três genótipos: aa, bb, ac, respectivamente os valores encontrados para as frequências no rebanho Girolando foram: 63%, 24,39%, 10,97%, e para o Holandês foram: 81,08, 10,81%, 8,11%. O genótipo aa se destacou pela maior frequência em ambos os rebanhos. Os resultados da análise de variância demonstraram que o efeito dos polimorfismos sobre a produção de leite foi significativo (P

Palavras-chave: biologia, genética, marcador, molecular, população

edyjoelson@hotmail.com

ID: 606-1 **Análise de correlação canônica de medidas morfométricas e características de rendimento de cortes cárneos de ovinos da raça Morada Nova¹**

DEBORAH GALVAO PEIXOTO GUEDES, MARIA NORMA RIBEIRO, FRANCISCO FERNANDO RAMOS DE CARVALHO, DORGIVAL MORAIS DE LIMA JÚNIOR, GEOVERGUE RODRIGUES DE MEDEIROS

¹ UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco, ² UFAL - Universidade Federal de Alagoas, ³ INSA - INSTITUTO NACIONAL DO SEMIÁRIDO

*Financiado por: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes)

Introdução: Uma boa conformação na carcaça ovina implica em uma maior valorização do produto final. Identificar e quantificar a associação entre as variáveis correspondentes às medidas morfométricas da carcaça e os rendimentos dos principais cortes cárneos é de fundamental importância para o desenvolvimento e otimização de programas de melhoramento genético ovino e sistemas de avaliação de carcaça ovina. A correlação canônica é uma técnica multivariada que determina a associação entre dois conjuntos de variáveis, além de quantificar a porcentagem de variância comum para os dois grupos. Neste tipo de análise, a correlação máxima entre dois conjuntos de variáveis é estimada por meio de combinações lineares das variáveis originais (variáveis canônicas), tornando-se mais completa. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar e quantificar a associação entre as medidas morfométricas e características de rendimento de seis principais cortes cárneos ovinos. **Material e Métodos:** Foram utilizadas 48 informações de ovinos Morada Nova, referentes as características de carcaça: Rendimento do pescoço (RPes), paleta (RPal), serrote (RSer), lombo (RLom), costilhar (RCostil) e perna (RPer); Profundidade torácica (ProfTor), Perímetro torácico (PeriTor), de perna (PeriPer) e de garupa (PeriGaru), Comprimento externo (CompEx), interno (CompIn) e da perna (CompPer), Largura de garupa (LarGaru) e torácica (LarTor), totalizando 15 variáveis, que foram divididas em dois conjuntos (medidas morfométricas e rendimento) a fim de se realizar uma análise por correlação canônica. **Resultados e Discussão:** Dos seis pares canônicos estimados, apenas o primeiro foi significativo e com coeficiente de correlação canônica elevado, o que indica que existe dependência entre os conjuntos de variáveis analisados. O primeiro par canônico foi suficiente para explicar 86,11% da variação total dos dados originais. Examinando as variáveis que compõem o primeiro par canônico, observou-se que dentro do conjunto das variáveis referentes as medidas morfométricas, LarGaru apresentou o maior coeficiente padronizado (0,36). Essa medida está relacionada ao desenvolvimento do tecido ósseo no momento das avaliações. Portanto, dentro das variáveis referentes ao Rendimento, a característica RSER se destacou entre as demais, com coeficiente padronizado de -13,48. **Conclusão:** O primeiro par canônico foi suficiente para explicar 86,11% da variação total nos dados originais. As características Largura da garupa e Rendimento do serrote foram as mais influentes na associação dos conjuntos de variáveis.

Palavras-chave: análise multivariada, ovinocultura de corte, variáveis canônicas

deborahgpguedes@hotmail.com

ID: 606-2 **Avaliação genética da idade ao primeiro parto de vacas Pardo-Suíças por meio da análise de sobrevivência**

DEBORAH GALVAO PEIXOTO GUEDES, ELIZÂNGELA EMÍDIO CUNHA

¹ UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco, ² UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte

*Financiado por: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes)

Introdução: Alguns estudos têm enfatizado a importância da eficiência reprodutiva e o seu papel sobre a produtividade e a rentabilidade de rebanhos bovinos leiteiros. Dentre as características que estão associadas à eficiência reprodutiva, está a idade ao primeiro parto (IPP), que é de fácil mensuração no rebanho, sendo também considerada como um indicador da precocidade sexual e fertilidade das fêmeas. **Material e Métodos:** A idade ao primeiro parto de novilhas Pardo-Suíças criadas no Semiárido do Brasil foi analisada como o tempo até o evento por meio do método não-paramétrico de Kaplan-Meier e do modelo de fragilidade compartilhada gama, sob a metodologia de análise de sobrevivência. Foram estimadas curvas de sobrevivência e de taxa de risco associadas com este evento e identificada a influência das covariáveis consideradas sobre o tempo. **Resultados e Discussão:** As idades média e mediana ao primeiro parto foram 987,77 dias e 1.003 dias, respectivamente; e as covariáveis significativas pelo teste de Log-Rank, na análise por Kaplan-Meier, foram estação de nascimento, ano de parto, touro (pai da novilha) e estação de parto. Na análise pelo modelo de fragilidade, foram preditos os valores genéticos e as fragilidades dos touros (pais) para o primeiro parto de suas filhas, modelando-se a função de risco de cada novilha em função da covariável fixa estação de nascimento e da covariável aleatória touro. A fragilidade seguiu a distribuição gama. Touros com valores genéticos positivos e altos possuíam fragilidades altas, o que significou um menor tempo de sobrevivência de suas filhas ao evento, ou seja, redução na idade ao primeiro parto delas. **Conclusão:** O método de Kaplan-Meier permite estimar, no tempo, a probabilidade de sobrevivência e a taxa de risco para o primeiro parto (evento). Ainda, sob esse método, é possível detectar ainda as covariáveis que influem no tempo até o evento. Tanto mais alto o valor genético positivo de um touro, mais alta é a sua fragilidade, o que o torna interessante para o objetivo de antecipar a idade ao primeiro parto, em um programa de melhoramento genético animal.

Palavras-chave: censura, fragilidade, método de Kaplan-Meier, novilha, valor genético

deborahgpguedes@hotmail.com

ID: 700-2 **Características de carcaças de cordeiros do ecotipo Berganês e cruzados com Dorper terminados em dois sistemas: em confinamento e a pasto**

JOÃO BANDEIRA DE MOURA NETO, JOSÉ NILTON MOREIRA, JOÃO JOSÉ SIMONI GOUVEIA, PAULO ALVES NOGUEIRA FILHO, ELLIO CELESTINO DE OLIVEIRA CHAGAS, JOSÉ RENALDO VILAR DA SILVA FILHO, MARIA NORMA RIBEIRO

¹ UFRPE - UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO, ² UNIVASF - UNIVERSIDADE FEDERAL DO

VALE DO SÃO FRANCISCO, ³ EMBRAPA SEMIÁRIDO - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA,
⁴ IPA - INSTITUTO AGRONÔMICO DE PERNAMBUCO, ⁵ IFSERTÃO-PE - INSTITUTO FEDERAL SERTÃO
PERNAMBUCANO

*Financiado por: CNPq

A terminação de cordeiros de raças especializadas na produção de carne para abate vem sendo cada vez mais utilizada no nordeste brasileiro, sendo o rendimento de carcaça o principal parâmetro na avaliação da produção. Avaliaram-se os pesos e os rendimentos de carcaças de cordeiros Berganês e cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês em dois sistemas de terminação: em confinamento e a pasto. Este experimento foi realizado na Fazenda Sossego, município de Dormentes, no período de maio a julho de 2016. Foram utilizados 40 cordeiros castrados, com cinco meses de idade, com peso médio de 27,0 Kg. Para o sistema de terminação em confinamento foram utilizadas baias individuais de tela, com oferta de silagem de sorgo e ração balanceada com 21,17% PB e 81,55% NDT, na proporção volumoso:concentrado de 50:50 na matéria seca, sendo as quantidades ajustadas diariamente de acordo com o consumo e desenvolvimento do animal, respeitando uma sobra de 10%. Os cordeiros no sistema a pasto tiveram livre acesso ao capim buffel e ração balanceada (mesma formulação do confinamento em qualidade e quantidade). Tratamento 1 = 10 cordeiros Berganês em Confinamento; Tratamento 2 = 10 cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês em Confinamento; Tratamento 3 = 10 cordeiros Berganês à Pasto; Tratamento 4 = 10 cordeiros ½ sangue Dorper/Berganês à Pasto. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado com modelo fatorial 2X2. Ao final dos 70 dias de experimento, os cordeiros foram conduzidos ao abatedouro, e antes do abate foi registrado o peso vivo ao abate de todos os animais, com média de 36,1 Kg. Após o abate e esfola dos animais, foram registrados os pesos das carcaças quentes, apresentando média de 15,78 Kg. As carcaças foram levadas a câmara fria e após o período de 24 horas as carcaças foram novamente pesadas e obteve-se o peso médio de carcaça fria de 15,86 Kg. Nenhum dos parâmetros avaliados apresentou diferença significativa ($P>0,05$) com relação aos genótipos nem quanto aos sistemas de terminação. Apesar dos resultados estarem próximos às médias relatadas por outros autores, vale salientar que o normal seria o peso da carcaça quente superior ao peso da carcaça fria, mas nas condições deste experimento o comportamento dos pesos foi o inverso. Fato que pode ser justificado pela baixa temperatura da câmara, abaixo dos 4°C, favorecendo a formação de cristais de gelo, consequentemente aumentando o peso das carcaças, principalmente daquelas carcaças em menor estado de engorduramento. Com os pesos das carcaças quentes e frias foram calculados os rendimentos das carcaças quentes e das carcaças frias, média de 43,73% e 43,95%, respectivamente. No presente estudo, tanto os genótipos como os sistemas de terminação mostraram-se semelhantes quanto às características de carcaças estudadas.

Palavras-chave: borregos, genótipos, rendimentos, semiárido, terminação de ovinos

joaobandeira.neto@hotmail.com

ID: 611-1 **IDENTIFICAÇÃO DE COINFECÇÃO POR PAPILOMAVÍRUS BOVINO (BPV-1, 2, 3, 4, 5 e 6) ATRAVÉS DA ANÁLISE DE AMOSTRAS SANGUÍNEAS DE BOVINOS DO ESTADO DE SERGIPE**

DENISE STÉPHANIE DE ALMEIDA FERREIRA, ERINALDO UBIRAJARA DAMASCENO DOS SANTOS, VICTOR VASCONCELOS COSTA, SÉRGIO FERREIRA DE LIMA JÚNIOR, MARTIN ALEJANDRO MONTES, PAULO ROBERTO ELEUTÉRIO DE SOUZA, MARIA DE MASCENA DINIZ MAIA

² UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco, ³ UFPE - Universidade Federal de Pernambuco, ⁵ UPE - Universidade de Pernambuco, ⁶ GENOMA - Laboratório de Genética, Bioquímica e Sequenciamento de DNA Prof^a. Tânia Falcão, Depto. de Biologia

*Financiado por: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

A papilomatose bovina (PB) é uma doença infecto-contagiosa, proporcionada por um vírus de natureza fibroepitelial da família *Papovaviridae*, gênero Papilomavírus (PV). O Papilomavírus bovino (BPV) está associado ao surgimento de neoplasias epiteliais benignas e malignas nos rebanhos de bovinos de corte e, sobretudo, de leite, sendo presente em todo o território brasileiro e com alta incidência na região Nordeste, causando grandes prejuízos aos criadores. No entanto, os tipos virais de BPV, bem como as formas de infecção – podendo ser de maneira singular, mista ou coinfeção – mais prevalentes ainda não foram passíveis de determinação. O objetivo do presente estudo foi identificar os tipos virais e as formas de infecção pelo BPV, em 80 amostras de sangue total, obtidas de bovinos assintomáticos oriundos de rebanhos do estado de Sergipe. A detecção da infecção se deu através da reação em cadeia da polimerase (PCR). Inicialmente, realizou-se amplificação com os *primers* degenerados FAP59 e FAP64 relativos à região do gene L1 do BPV. Em seguida, foram realizadas reações de PCR com *primers* específicos para identificação de BPV dos tipos 1, 2, 3, 4, 5 e 6. Os resultados mostraram uma prevalência de 48,75% (39/80) para BPV-1; 3,75% (3/80) para BPV-2; 27,50% (22/80) para BPV-3; e 15% (12/80) para a infecção pelo BPV-5 nas amostras analisadas. Já amplificação dos fragmentos esperados para o BPV-4 e BPV-6 não foi obtida, existindo uma necessidade de aprofundar o estudo sobre esses *primers*. Também foram observadas a ocorrência de coinfeções – presença de mais de um tipo viral num mesmo animal – em quinze das amostras amplificadas, sendo: duas amostras caracterizadas com infecção simultânea por BPV-1 e BPV-2; sete amostras com coinfeção por BPV-1 e BPV-3; quatro amostras apresentando coinfeção por BPV-1 e BPV-5; uma amostra detectada com BPV-3 e BPV-5; e por último, uma amostra prevalecendo a coinfeção tripla por BPV-1, BPV-3 e BPV-5. Estes resultados sugerem que a avaliação de amostras provenientes de diferentes rebanhos é indispensável para caracterizar os tipos virais já circulantes, possibilitando a descoberta de novos tipos virais de BPV, e diferentes associações com enfermidades acometidas pelo gado. Também demonstra que tanto as infecções múltiplas quanto a grande diversidade viral podem ser frequentemente observadas nos bovinos, assim como ocorre nos seres humanos. Além disso, confirma a ocorrência da coinfeção pelo BPV associada a papilomas cutâneos em bovinos, fazendo com que os animais se tornem mais susceptíveis ao desenvolvimento de carcinomas.

Palavras-chave: papilomatose, doenças infecto-contagiosas, neoplasia, genética, PCR

deniise_almeida@hotmail.com

ID: 158-1 Comparação de modelos para a estimativa de parâmetros genéticos para uma população multirracial Angus-Nelore sob enfoque bayesiano.

ALAN MIRANDA PRESTES, GIOVANI LUIS FELTES, VANESSA TOMAZETTI MICHELOTTI, FERNANDA BREDAMELLO, PAULO ROBERTO NOGARA RORATO, MAURÍCIO MORGADO OLIVEIRA, ANDRÉ PADILHA BRAVO

¹ UFSM - Universidade Federal de Santa Maria

Objetivou-se identificar o modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos para ganho de peso diário da desmama ao sobreano (GMDDS) em uma população multirracial Angus-Nelore, composta por 49.634 animais. Foram testados três modelos: animal tradicional (MA), animal multirracial sem segregação (MAMRSS) e animal multirracial com segregação (MAMRCS), considerando como fixo o efeito de grupo de contemporâneos, como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e residual e como covariáveis os efeitos genéticos devido a dominância, epistasia (aditiva $\times$ aditiva) e o efeito aditivo de raça (Angus). Para escolher o melhor modelo foram utilizados os critérios: número de parâmetros (N_p), informação da deviance (DIC), ordenada preditiva condicional (CPO) e os parâmetros genéticos estimados. O modelo MA apresentou maiores valores de DIC e CPO, indicando pior ajuste. As soluções para os efeitos genético aditivo de raça (Angus), dominância e epistasia foram semelhantes nos três modelos, indicando que a média de GMDDS tende a aumentar com o aumento da proporção gênica da raça Angus. A dominância afetou favoravelmente, enquanto que a epistasia teve efeito adverso no GMDDS. O modelo MAMRCS apresentou menor valor de DIC e o MAMRSS apresentou o menor N_p e CPO, indicando bom ajuste, além de ser menos parametrizado. O MA subestimou a herdabilidade ($0,14 \pm 0,01$) e as estimativas obtidas pelos MAMRSS e MAMRCS foram semelhantes ($0,29 \pm 0,02$ e $0,28 \pm 0,04$, respectivamente). Conclui-se que os modelos multirraciais são mais eficientes na avaliação genética desta população, no entanto, o modelo MAMRSS é mais vantajoso por ser menos parametrizado, demandando menor esforço computacional.

Palavras-chave: avaliação genética, ganho médio diário, modelo multirracial

prorato@gmail.com

ID: 129-2 MEDIDAS MORFOMÉTRICAS E PESO CORPORAL DE CAPRINOS DA RAÇA CANINDÉ NO SEMIÁRIDO

GEAN RAFAEL BARBOSA, SAMUEL FREITAS NUNES, JOSÉ ERNANDES RUFINO DE SOUSA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, DEBORA ANDREA EVANGELISTA FAÇANHA, IONARA DÁRCYA LIMA DA COSTA, BRUNO VINÍCIOS SILVA DE ARAÚJO, MARCELO AUGUSTO BATISTA LEMOS

¹ UFRPA - Universidade Federal Rural do Semi-árido

Objetivou-se nesse trabalho avaliar as relações entre as características morfométricas, peso vivo e a condição corporal de 330 fêmeas caprinas da raça Canindé adultas, pertencentes a três rebanhos localizados no estado do Rio Grande do Norte. As características avaliadas foram: escore da condição corporal (EC), comprimento corporal (CC), altura de cernelha (AC), largura torácica (LT), profundidade torácica (PT), altura de garupa (AG), largura de íleo (LIL), largura de ísquio (LISQ), comprimento de garupa (CG), circunferência torácica (CT), altura de pata (AP), comprimento de cabeça (Ccb), largura de cabeça (Lcb) e comprimento de orelha (Co) e o peso corporal (PC). E a partir dessas medidas foram calculados quatro índices zootécnicos, como: Índice corporal (IC), índice corporal relativo (ICR), índice de relação perímetro torácico (IRPT) e índice de compacidade corporal (ICC). Foram realizadas análises descritiva dos dados, teste de média em função do rebanho e da classe de idade das matrizes, correlação entre as características avaliadas, utilizando o software SAS. As médias encontradas para peso, EC, CC, AC, LT, PT, AG e CT foram as seguintes: 27,92; 2,78; 62,15; 57,31; 15,54; 28,26; 58,01; e 72,20. As maiores correlações ($\geq 0,50$) foram obtidos entre AC e AG, CC e AG, LT e LG, PT e CT, CC e CT. Observou-se para ICR que os valores não diferiram entre os três rebanhos, sendo em geral animais de baixa estatura e um pequeno desenvolvimento de pernas. Os animais avaliados nesse estudo foram classificados como: longilíneos, mediolíneos e brevilíneos. As medidas morfométricas são instrumentos importante em programas de melhoramento genético, pois podem ser utilizadas como seleção indireta para características de importância econômica.

Palavras-chave: Caracterização fenotípica, índices zoométricos, raça localmente adaptadas, caprinocultura

sfnuness@gmail.com

ID: 777-3 **Efecto del nivel de endogamia sobre pesos a diferentes edades en ganado Blanco Orejinegro**

JUAN DIEGO RODRÍGUEZ NEIRA, STIVEN RAMÍREZ HERRERA, ALBEIRO LÓPEZ HERRERA, LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA, MARISOL LONDOÑO GIL

¹ unal - Universidad Nacional de Colombia

Introducción: El ganado Blanco Orejinegro (BON), es un recurso criollo de Colombia, con un proceso de adaptación al ambiente de este país, por más de 500 años. La población de razas bovinas criollas colombianas, evaluada en el censo de 1999 fue de 18231 animales correspondientes al 0.08% de la población total de bovinos del país, siendo la BON la que mayor aporta al inventario. Por lo anterior, crece la importancia de promover métodos de manejo, donde se controle el nivel de consanguinidad en la raza, pensando en que el vínculo de parentesco entre individuos podría afectar los parámetros productivos de la raza. **Objetivos:** Establecer si el nivel de consanguinidad que presentan los bovinos de la raza BON de la hacienda Bohemia, afecta el desempeño productivo de los animales, en cuanto al peso a diferentes edades. **Materiales y métodos:** El estudio se desarrolló utilizando registros de peso al nacimiento (Pnto), al destete

(Pdest) y al año (Pano) de 241 animales de la raza BON pertenecientes a la Hacienda Bohemia, ubicada en el municipio de La Virginia, Risaralda. La información fue recolectada entre los años de 2001 y 2011. Se calculó el coeficiente de endogamia a través del software MTDFNRM. Se establecieron tres clases de coeficiente de endogamia: sin endogamia, con baja endogamia (hasta 0.035) y con endogamia alta (mayores a 0.035). Se usó el procedimiento GLM del programa estadístico SAS 9.4 para conocer el efecto de la endogamia sobre las características de interés antes mencionadas. Las fuentes de variación consideradas fueron año de nacimiento (AN), sexo y nivel de endogamia (NE), para todas las características estudiadas. Edad al destete y pnto se adicionaron como covariables para el análisis del pdest. Y pdest y pnto se adicionaron como covariables para el análisis de pano. Resultados: Se observó una media de 33 ± 4 kg para Pnto, 230 ± 40 kg para Pdest y 262 ± 50 kg para Pano. Mayor coeficiente de variación se observó para Pano y menor, para Pnto. De los 241 animales el 84.6% no presentaron endogamia, el 7% presentaron endogamia baja y el 8.4% presentaron endogamia alta. En los modelos analizados para cada una de las variables de interés no se observó efecto significativo del NE; en cuanto a los demás efectos incluidos en los modelos, solamente el sexo y el AN presentaron efecto significativo sobre la característica Pdest. Los coeficientes de determinación observados, sugieren que los efectos incluidos para el Pdest y Pano explican el modelo en un 97 y 85% respectivamente, mientras que para el Pnto los efectos explican un 17% del modelo. Conclusión: La EN no presentó cambios significativos en las características de peso evaluadas a diferentes edades en el ganado BON.

Palavras-chave: consanguinidade, peso ao nascimento, peso ao destete, raça criolla colombiana

luggonzalezhe@unal.edu.co

ID: 160-1 AJUSTE DE MODELOS NÃO LINEARES PARA A CURVA DE CRESCIMENTO DE CAPRINOS MESTIÇOS

BRUNO VINÍCIOS SILVA DE ARAÚJO, SAMUEL FREITAS NUNES, IONARA DÁRCYA LIMA DA COSTA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, GEAN RAFAEL BARBOSA, DEBORA ANDREA EVANGELISTA FAÇANHA, JOSÉ ERNANDES RUFINO DE SOUSA

¹ UFERSA - Universidade Federal Rural do Semi-árido

*Financiado por: Universidade Federal Rural do Semi-árido

As medidas corporais e os índices zootécnicos se fazem necessário e apresentam grande importância para a caracterização de um grupo genético e para o conhecimento do seu potencial para exploração econômica. Estudos relacionados às características de crescimento auxiliam na tomada de decisões quanto a qualidade da resposta produtiva do animal. A forma de crescimento dos animais é uma preocupação dos programas de seleção e avaliação genética, que utilizam como ferramenta a curva de crescimento, que consiste em uma representação gráfica de dados, que relaciona o peso e idade, fornecendo informações sobre o desenvolvimento do animal. O referente trabalho objetivou avaliar dentre os modelos não lineares de

Bertalanffy, Brody, Gompertz e Logístico, aquele que melhor descreve a curva de crescimento corporal dos animais. Analisou-se 770 registros de pesos ao nascer (PN), aos 30 dias (P30), aos 60 dias (P60), aos 90 dias (P90), aos 120 dias (P120), aos 150 dias (P150), aos 180 dias (P180) e aos 210 dias (P210) de 153 caprinos mestiços oriundos de dois rebanhos particulares, situado no município de Assú e Lajes, Rio Grande do Norte. Utilizou-se como critérios para auxiliar na escolha, o percentual de convergência (C%), coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), diferença média absoluta (DMA), erro quadrático médio de predição (MEP), logaritmo de máxima verossimilhança (Log L) e o quadrado médio residual (QMR). Os parâmetros da curva foram estimados utilizando o procedimento NLIN do SAS. O modelo que melhor ajustou a curva de crescimento de acordo com os critérios utilizados foi o Logístico, onde o mesmo apresentou melhores resultados em comparação aos demais nos critérios R^2_{aj} (0,8785), DMA (1,44), Log L (-1610), MEP (0,4048), QMR (3,8245) e C% foi de 74,07. Para o modelo Logístico o parâmetro estimado A que indica o peso assintótico ou peso em que os animais atingem a idade adulta, foi de 20,54, o parâmetro K que funciona como um indicador da velocidade de crescimento animal foi igual a 0,022, e o B, uma constante de integração, relacionada aos pesos iniciais do animal, apresentou valor de 1,87.

Palavras-chave: Peso, Idade, Taxa de crescimento

brunovinicios.araujo@hotmail.com

ID: 810-1 **IDENTIFICACIÓN DE SNP ASOCIADOS AL ESPESOR DE GRASA DORSAL, DETERMINADA MEDIANTE ULTRASONIDO EN TOROS ABERDEEN ANGUS.**

DAVID CANCINO BAIER, JOHN QUIÑONES DIAZ, SILVANA BRAVO MARCHANT, NESTOR SEPULVEDA BECKER

¹ UFRO - Universidad de La Frontera, ² CTI CARNE - Centro de tecnología e innovación de la carne

*Financiado por: Laboratorio de Producción Animal. Universidad de La Frontera.

Introducción: La cobertura grasa es el componente más importante al momento de determinar el grado de rendimiento de la canal. Hay varios genes que estarían relacionados con su desarrollo, entre los que destacan el gen FABP-4 (Fatty Acids Binding Protein 4) y el gen TG (Thyroglobulin). Estudios relacionados con el gen FABP-4 han encontrado una relación entre el SNP g.7516G>C y la cobertura grasa. Por otra parte, el gen TG ha sido propuesto como un gen candidato para estudiar la deposición de lípidos, específicamente el SNP g.422C>T. Por lo que el objetivo de este estudio fue identificar la presencia de los SNP g.7516 G>C del gen FABP4 y g.422C>T del gen TG en toros de raza Aberdeen Angus mediante la técnica de PCR-RFLP y su asociación con el espesor de grasa dorsal y de cadera. **Métodos:** Para este estudio se utilizaron 82 toros, de edad y pesos promedios de $3,35 \pm 1,75$ años y $639 \pm 125,64$ kg, pertenecientes al fundo San Luís de la localidad de Nontuela, comuna de Futrono, Región de Los Ríos ($40^\circ 2'57.09''$ S, $72^\circ 35'57.91''$ O). Mediante ultrasonido se determinó el espesor de grasa dorsal (EGD), y espesor de grasa de cadera (EGC). Los promedios obtenidos para el EGD y EGC fueron de $0,36 \pm 0,13$ cm y $0,43 \pm 0,2$ cm respectivamente.

Adicionalmente se registraron el 1rea de ojo de lomo (AOL), el per3metro de ojo de lomo (POL), el peso vivo y la edad. Los animales fueron genotipificados para los SNP g.7516 G>C del gen FABP4 y g.422C>T del gen TG, mediante la t3cnica de PCR-RFLP, a partir de DNA gen3mico obtenido de sangre completa. Resultados: Las frecuencias genot3picas y al3licas para el SNP g.7516 fueron: GG: 0,04; GC: 0,33; CC: 0,63 y G: 0,2; C: 0,8. En tanto que para el SNP g.422 fueron: CC: 0,34; CT: 0,49; TT: 0,17 y C: 0,58; T: 0,042, respectivamente. El an1lisis estad3stico contempl3: 1) ANOVA de los genotipos FABP-4 y TG, sobre el EGD y EGC. Para el SNP FABP-4 g.7516G>C no se observ3 diferencia significativa (PT del gen TG, tampoco se observ3 diferencia significativa (P

Palavras-chave: BOVINOS, FABP-4, TIROGLOBULINA, GRASA DORSAL, SNP

johnbiotecnologia@gmail.com

ID: 142-2 Asociaci3n entre la tasa ovulatoria y los polimorfismos G5 y G6 del gen GDF9 en ovejas criollas Araucanas

CAMILA SEP3LVEDA TRUAN, ROBERTO MATAMOROS PINEL, SILVANA ELENA BRAVO MARCHAN, N3STOR SEP3LVEDA, CLAUDIA LETELIER

¹ UST - Universidad Santo Tomas, ² UFRO - Universidad de La Frontera, ³ Uach - Universidad Austral de Chile

Uno de los factores que tienen mayor incidencia en la eficiencia reproductiva de los sistemas ovinos es la prolificidad, definida como el n3mero de corderos nacidos por parto. Varios factores afectan este par1metro reproductivo, siendo uno de ellos, la gen3tica. En la especie ovina, la tasa ovulatoria y prolificidad son par1metros reproductivos que se encuentran influenciados por la presencia de genes de efecto mayor como el GDF9. 3ltimamente se ha estudiado el efecto de polimorfismos (SNP) en genes de efecto mayor sobre la tasa ovulatoria y prolificidad en diversas razas ovinas en el mundo. Sin embargo, no existen antecedentes de estos polimorfismos en razas ovinas presentes en Chile. El objetivo del presente estudio fue asociar la presencia de los polimorfismos G5 y G6 del gen GDF9, la tasa ovulatoria y prolificidad en ovejas criollas Araucanas. Se utilizaron 24 ovejas adultas (12 portadoras y 12 no portadoras de los polimorfismos a estudiar) las cuales fueron sincronizadas con progest1genos y posteriormente se midi3 su tasa ovulatoria a trav3s del n3mero de cuerpos l3teos identificados por ecograf3a transrectal. Adem1s, se determin3 para cada oveja su prolificidad a trav3s de registros reproductivos de los 3ltimos tres partos. Los resultados demostraron que existen diferencias significativas (p

Palavras-chave: Cuerpos luteos, Tasa ovulatoria, prolificidad, Gen mayor, Ovino

camilast@gmail.com

ID: 499-1 **Heterogeneidade de variância em dados longitudinais e ajuste da curva de crescimento com modelos não lineares em fêmeas caprinas**

FRANCISCO ARTHUR ARRÉ, JOSÉ ELIVALTO GUIMARÃES CAMPELO, DIEGO HELCIAS CAVALCANTE, JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO, VANESSA DOS SANTOS NERI, MARIA IVAMARA SOARES MACEDO, TATIANA SARAIVA TORRES, FLORA SUZANE PARENTE MAIA

¹ UFPI - Universidade Federal do Piauí

No estudo dos dados longitudinais, como o peso em função da idade, devem-se considerar as mudanças fisiológicas ocorridas na vida do animal do nascimento à maturidade. Objetivou-se avaliar a curva de crescimento de cabras ajustada por meio de modelos não lineares, avaliando a flexibilidade de cada modelo para corrigir a variação residual gerada em idades mais avançadas. Foram utilizadas informações de peso do nascimento até 60 meses de idade de 104 cabras da raça Anglonubiana, para a análise da curva de crescimento, pelo método Gauss-Newton modificado dos modelos não lineares: Von Bertalanffy, Brody, Gompertz e Logístico. Para avaliar a qualidade do ajuste dos modelos, recorreram-se aos testes de Quadrado Médio do Resíduo (QMR), Desvio Médio Absoluto dos resíduos (DMA) e Coeficiente de determinação (R²). Os melhores ajustes foram alcançados pelos modelos Logístico e Brody, seguidos pelos modelos Von Bertalanffy e Gompertz. Constatou-se também a existência de heterogeneidade de variância residual, pela análise gráfica gerada pelos resíduos padronizados. Na distribuição de resíduo padronizado para o modelo Logístico foram observados desvios positivos até 200 dias, negativos até 1000 dias, com pico negativo na idade 505 dias (-8,9 kg) e novamente desvios positivos até os 1800 dias, sendo o pico positivo aos 1523 dias (7,9 kg). Isto implicou em maior amplitude de variação dos resíduos que o modelo Brody, no qual o pico negativo ocorreu na idade 505 dias (-8,7 kg) e o pico positivo aos 1523 dias (7,6 kg). Os picos de desvios negativos estão na faixa que abrange a média de idade ao primeiro parto, que foi de 682±136 dias, período de maior ganho de peso durante a gestação e, conseqüentemente, na variância dos dados. Segundo os critérios utilizados, o modelo Brody foi considerado o mais adequado para descrever o crescimento das cabras da raça Anglonubiana em estudo, seguido pelos modelos Logístico, Von Bertalanffy e Gompertz.

Palavras-chave: Logístico, Brody, Cabras, Anglonubiana

tatianaana@hotmail.com

ID: 840-1 **Tendencia de cambio del valor genético y fenotípico de la circunferencia escrotal en un hato Brahman puro**

LUIS MIGUEL LÓPEZ CASTILLO, BRYAN ALEXIS OSORIO MEJÍA, NATALIA ANDREA MARÍN GARZÓN, DANIEL CARDONA CIFUENTES, DANIEL FERNANDO SERNA GÓMEZ, DIANA MARÍA BOLÍVAR VERGARA, LUIS GABRIEL GONZÁLEZ HERRERA

¹ UNAL - Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín

Introducción: debido a que un alto porcentaje de las ganaderías de carne en Colombia se reproducen bajo

monta natural, es importante evaluar la fertilidad de los toros y seleccionar los de mayor valor genético para características que mejoren la eficiencia reproductiva de los hatos. La circunferencia escrotal ha sido utilizada como criterio de selección, debido a la asociación alta y positiva con el potencial fértil de los toros, y correlación negativa favorable con la edad a la pubertad de machos y hembras. **Objetivo:** Evaluar la tendencia de cambio del valor genético y fenotípico a través de los años para circunferencia escrotal (CE), de toretes de una ganadería de Brahman puro en el Magdalena medio colombiano. **Materiales y métodos:** Fueron evaluados 28348 animales de la raza Brahman blanco de la hacienda San Juan de Bedouth, ubicada en Puerto Berrio-Antioquia, nacidos entre 1987 y 2015, con información de valor genético para CE previamente calculado en el análisis univariado, a través de un modelo animal por la metodología REML (Máxima verosimilitud restringido) en donde fue estimada una heredabilidad de 0.08. La consistencia de datos y estadística descriptiva, fue realizada en el software SAS 9.4, en donde se realizó una regresión simple del valor genético sobre el año de nacimiento, a través del procedimiento PROC REG, para evaluar la tendencia de cambio del valor genético a través de los años en la ganadería objeto de estudio. La misma metodología fue implementada para evaluar la tendencia de cambio del valor fenotípico de CE, en donde fueron analizados 746 toretes de la misma hacienda, nacidos entre el año 2005 y 2013. **Resultados:** La evaluación determinó una disminución significativa (**P**Conclusiones: De acuerdo a los resultados, es posible concluir que no ha existido cambio significativo en los valores genéticos y fenotípicos para CE en la Hacienda San Juan de Bedouth, ya que la selección se ha realizado con base en el fenotipo de los animales, lo que no es indicado, debido al bajo valor de la estimativa de heredabilidad encontrada; sin embargo, es necesario realizar análisis bicaracterísticos entre CE y pesos a diferentes edades y entre CE con características de índole reproductivo en hembras, para verificar si la estimativa de heredabilidad en estos nuevos análisis, indica la posibilidad de hacer selección para CE, de manera que se pueda obtener progreso genético a través de los años para dicha característica y por consiguiente, mejorar el estatus reproductivo y productivo en la empresa ganadera.

Palavras-chave: heredabilidad, mejoramiento, regresión, selección

luimlopezcas@unal.edu.co

ID: 834-1 **Accuracy of genomic selection using multistep and single-step methods for growth traits in Hereford and Braford beef cattle**

GABRIEL SOARES CAMPOS, ARIONE AUGUSTI BOLIGON, MARCOS JUN-ITI YOKOO, JOSÉ BRACCINI NETO, FERNANDO ANTÔNIO REIMANN, PATRICIA IANA SCHMIDT, FERNANDO FLORES CARDOSO

¹ UFPEL - Federal University of Pelotas, ² EMBRAPA - Embrapa Southern Region Animal Husbandry, ³ UFRGS - Federal University of Rio Grande do Sul

*Financiado por: CAPES

The aim of this study was to evaluate the accuracy of genomic predictions using two multistep and one single

step (ssGBLUP) methods for growth traits measured at weaning and at yearling in Hereford and Braford animals. Phenotypes of 126,290 animals belonging to the Conexão Delta G breeding program, and a set of 3,545 animals genotyped through 50K SNP chip and 131 bulls genotyped through 777K SNP chip were used. The traits studied were birth weight (BW), weaning weight adjusted to 205 days of age (WW205), yearling weight adjusted to 550 days of age (YW550) and post-weaning weight gain adjusted to 345 days of age (PWG345). The phenotypes were adjusted for an animal model, which was used to predict the breeding values, and then these were used to calculate the deregression breeding values (DEBV). The effects of the markers were estimated using the GBLUP and BayesB methods. After, direct genomic values (DGV) previously estimated were combined with pedigree and performance data to obtain genomic enhanced breeding values (GEBV). The first multistep approach used was the selection index (SI), where in the first set of content are DGV, the second is a subset of the genotyped animals using the traditional relationship and its DEBV and the third set is the traditional breeding value. In the second multistep approach used, the GEBV were calculated based on bivariate analyses between the phenotype and DGV, using the traditional pedigree. The latter approach was used directly combining the phenotypic, pedigree and genomic information in one step using the single step GBLUP (ssGBLUP). The animals genotyped for traits were divided into four or five groups by two cross validation strategy, K-means and randomly. The accuracy was calculated as the genetic correlation between the adjusted phenotype and genomic predictions in a bivariate analysis. The accuracy values ranged from low to high magnitude (0.15 to 0.85) between the studied traits. The highest accuracy values with the K-means clustering were obtained for BW and WW205 traits, with ssGBLUP (0.48 ± 0.08) and SI_BayesB (0.48 ± 0.05) methods, respectively. For randomly formed groups the higher accuracy were estimated for BW using SI_BayesB method (0.85 ± 0.13) and for YW550 using ssGBLUP method (0.85 ± 0.14). Lower estimates were obtained using the K-means clustering method, suggesting that genomic predictions decrease as the relationship between the animal in the training set is more distant. These results indicate that genomic predictions can be used as a tool to increase the genetic gains for growth traits in Hereford and Braford beef cattle.

Palavras-chave: deregressed breeding values, genomic breeding values, genomic prediction, K-means

gabrielsoarescampos@hotmail.com

ID: 665-2 **AVALIAÇÃO DO APERFEIÇOAMENTO DAS MEDIDAS DE PESO E COMPRIMENTO CORPORAL EM OVINOS PREMIADOS DA RAÇA SANTA INÊS**

DANIEL DE LELIS PESSOA BEZERRA, INGRID LAÍSE SILVESTRE DE OLIVEIRA, VALDI DE LIMA JUNIOR, VICTOR HENNEG CAMPELO DE LIMA, ANA LUIZA GUERREIRO, KAROLINE BATISTA DE PAIVA LOPES, JESSICA CAROLINE NASCIMENTO RODRIGUES, YURI CAIÊ SALVADOR BARRETO

¹ UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ² UFCG - Universidade Federal de Campina Grande

*Financiado por: Universidade Federal do Rio Grande do Norte

A raça Santa Inês se enquadra dentre as raças mais prolíferas e adaptadas da região Nordeste, região de predomínio das criações de ovinos. A raça se faz presente em praticamente todas as feiras agropecuárias do país, destacando-se em julgamentos, auxiliando dessa forma, a manutenção do padrão racial. Ao decorrer dos anos, características são trabalhadas, reprimidas ou mantidas, conferindo a raça, aprimoramento de características ideais de produção. Dessa forma, se faz relevante o acompanhamento dos avanços zométricos e de crescimento no decorrer da última década, possibilitando expor mudanças que ocorreram durante os anos até atingir um biotipo animal mais próximo do padrão racial Santa Inês. Neste contexto, objetivou-se avaliar a morfometria de ovinos Santa Inês, que se destacaram em julgamentos na última década, e observar os diferentes direcionamentos morfométricos de seleção sofridos pela raça. Foram utilizadas medidas de peso e comprimento corporal de 200 animais, machos e fêmeas, com idade de 4 a 36 meses, enquadrados no padrão racial da raça Santa Inês. Estes participaram das principais exposições agropecuárias do Nordeste no período de 2003 a 2012, nas quais 50 machos e 50 fêmeas se sagraram grandes campeões e 50 machos e 50 fêmeas reservados grandes campeões. Os animais, de ambos os sexos, foram mensurados e pesados de modo a serem aferidos o peso corporal (P), comprimento corporal (CC) e com a aferição do peso dividido pela idade em dias de cada animal foi extraído o ganho de peso diário (GPD). Os dados foram analisados estatisticamente com o auxílio do SAS @, de modo a serem extraídas as médias e desvios padrões para todas as medidas. Na avaliação dos dados, percebeu-se que houve um aumento na média das medidas de P, CC, em ambos os sexos, no decorrer dos anos de 2005 à 2009. Nesse período de 4 anos, foi verificado aumento de peso de 114.9 ± 28.7 kg para 143.9 ± 20.5 kg nos machos e 101.1 ± 12.18 kg para 116.8 ± 5.95 kg nas fêmeas, com posterior queda nos anos seguintes, alcançando em 2012 uma média de peso de 128.5 ± 15.7 kg nos machos e 104.0 ± 20.92 nas fêmeas. Conjuntamente com as médias de P, as medidas de CC também apresentaram aumentos no período de 2005 à 2009, alongando-se de 0.86 ± 0.06 cm à 0.92 ± 0.05 cm para os machos e de 0.80 ± 0.07 cm à 0.82 ± 0.04 cm para as fêmeas. As médias de GPD não sofreram aumento gradativo, devido ao fato de que os animais premiados no grande campeonato possuem idade elevada. Portanto, houve aumento gradativo no peso dos animais da raça Santa Inês desde a criação do seu padrão racial. Além disso, fica claro, que durante esta década, houve uma variação de peso para mais até o ano de 2009 e a partir deste, o peso dos animais tendeu a baixar com o intuito de enquadrar os animais no seu padrão racial.

Palavras-chave: animais premiados, ganho de peso, julgamentos, padrão racial, seleção

ingrid-laise@hotmail.com

ID: 834-2 **Accuracy of genomic selection using multistep and single-step methods for visual scores at weaning and yearling in Hereford and Braford cattle**

GABRIEL SOARES CAMPOS, ARIONE AUGUSTI BOLIGON, MARCOS JUN-ITI YOKOO, JOSÉ BRACCINI NETO, FERNANDO ANTÔNIO REIMANN, PATRICIA IANA SCHMIDT, FERNANDO FLORES CARDOSO

¹ UFPEL - Federal University of Pelotas, ² EMBRAPA - Embrapa Southern Region Animal Husbandry, ³ UFRGS

- Federal University of Rio Grande do Sul

*Financiado por: CAPES

The aim of this study was to evaluate the accuracy of genomic predictions using two multistep and one single step (ssGBLUP) methods for visual scores at weaning and at yearling in Hereford and Braford animals. Phenotypes of 126,290 animals belonging to Conex3o Delta G breeding program , and a set of 3,545 animals genotyped through 50K SNP chip and 131 bulls genotyped through 777K SNP chip were used. The studied traits were visual scores of conformation, precocity, musculature and size obtained at weaning and at yearling. The phenotypes were adjusted for an animal model which was used to predict the breeding values and then these were used to calculate the deregressed breeding values (DEBV) and further used to estimate the markers effects for GBLUP and BayesB methods. Direct genomic values (DGV) previously estimated were combined with the pedigree and performance data to obtain genomic enhanced breeding values (GEBV), using three approaches. The following approaches used were: 1) First multistep approach using the selection index (SI), where in the first set of content are DGV, the second is a subset of the genotyped animals using the traditional relationship and the third set is the traditional breeding value; 2) second multistep approach used GEBV, calculated based on the bivariate analysis between the phenotype and DGV, using traditional pedigree; 3) directly combining the phenotypic, pedigree and genomic information in one step using the single step GBLUP (ssGBLUP). The animals genotyped for traits were divided into four or five groups by two cross validation strategy, K-means and randomly. The accuracy was calculated as the genetic correlation between the adjusted phenotype and genomic predictions in a bivariate analysis. The accuracy values ranged from low to high magnitude (0.17 to 0.84) between visual scores at weaning and at yearling. The highest accuracy values with the K-means clustering were obtained for weaning musculature score (0.66 ± 0.17) and yearling precocity score (0.65 ± 0.23) with ssGBLUP method and randomly formed groups, were 0.88 ± 0.13 for weaning size and 0.84 ± 0.18 for yearling musculature score with IS_GBLUP and ssGBLUP methods, respectively. Lower estimates were obtained using the K-means clustering method, suggesting that genomic predictions decrease as the relationship between the animal in the training set is more distant. The results indicate that the genomic predictions can be used as a tool for genetic progress by decreasing the generation interval and increase in accuracy at visual scores in Hereford and Braford beef cattle.

Palavras-chave: beef cattle, deregressed breeding values, genomic breeding values, genomic prediction, K-means

gabrielsoarescampos@hotmail.com

ID: 129-1 AJUSTE DE MODELOS N3O LINEARES PARA A CURVA DE CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA IN3S

SAMUEL FREITAS NUNES, BRUNO VIN3CIOS SILVA ARA3JO, RENATO DI3GENES MACEDO PAIVA, GEAN RAFAEL BARBOSA, JOS3 ERNANDES RUFINO DE SOUSA, CARMEM RACKHEL MORAIS BARBOSA, DANIEL

GLAYDSON FARIAS GUERRA, MARCELO AUGUSTO BATISTA LEMOS

¹ UFRSA - Universidade Federal Rural do Semi-árido

A curva de crescimento é uma representação gráfica de dados de massa corporais coletados repetidamente e correlacionados com a idade, é uma ferramenta muito usada na produção animal para resumir características de crescimento de uma população; avaliar as respostas de uma população a um tratamento ou de um tratamento em uma população, durante um período; identificar em uma população os animais mais pesados em idades mais jovens, bem como a determinação da melhor idade para realizar o abate dos animais. O presente trabalho analisou 652 registros de pesos ao nascer (PN), aos 30 dias (P30), aos 60 dias (P60), aos 90 dias (P90), aos 120 dias (P120) e aos 150 dias (P150) de 132 cordeiros oriundos de dois rebanhos particulares em Russas/CE e Viçosa/RN, com o objetivo de avaliar dentre os modelos não lineares de Bertalanffy, Brody, Gompertz e Logístico, aquele que melhor descreve a curva de crescimento corporal dos animais. Foram utilizados como critérios para auxiliar na escolha do modelo, o percentual de convergência (C%), coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), Desvio médio absoluto (DMA), erro quadrático médio de predição (MEP), logaritmo de máxima verossimilhança (Log L) e quadrado médio residual (QMR). Os parâmetros da curva foram estimados utilizando o procedimento NLIN do SAS. O modelo que melhor ajustou a curva de crescimento de acordo com os critérios utilizados foi o de Brody, onde o mesmo apresentou melhores resultados em comparação aos demais para os critérios R^2_{aj} (0,9199), DMA (2,0827), Log L (-1720), MEP (0,4426), QMR (7,5691), e %C de 94,65. Para o modelo de Brody o parâmetro estimado A que indica o peso assintótico ou peso em que os animais atingem a idade adulta, foi de 49,14Kg, e o parâmetro K que funciona como um indicador da velocidade de crescimento animal foi igual 0,0067.

Palavras-chave: Taxa de crescimento, Peso, Idade, Brody

sfnuness@gmail.com

ID: 158-2 **Correlações de ordenamento dos valores genéticos de diferentes modelos para uma população multirracial Angus-Nelore**

ALAN MIRANDA PRESTES, GIOVANI LUIS FELTES, VANESSA TOMAZETTI MICHELOTTI, PAULO ROBERTO NOGARA RORATO, FERNANDA BREDI MELLO, MAURÍCIO MORGADO OLIVEIRA, ANDRÉ PADILHA BRAVO

¹ UFSM - Universidade Federal de Santa Maria

O objetivo foi estimar a correlação entre o ordenamento dos valores genéticos preditos (VGP) para o ganho de peso diário da desmama ao sobreano (GMDDS), para uma população multirracial Angus-Nelore composta por 49.634 animais, por diferentes modelos. Foram testados três modelos: animal tradicional (MA), animal multirracial sem segregação (MAMRSS) e animal multirracial com segregação (MAMRCS), considerando como fixo o efeito de grupo de contemporâneos e como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e residual e como covariáveis os efeitos genéticos devido a dominância, epistasia e aditivo de raça (Angus). As correlações de Spearman entre os VGPs foram estimadas da seguinte forma: considerando todos os

reprodutores e somente os reprodutores DECA 1, 2 e 3, separadamente. Quando todos os reprodutores foram considerados, a correlação entre os VGPs foi alta ($r > 0,99$). Quando os animais foram agrupados por DECA as correlações entre os VGPs pelos modelos multirraciais e os preditos pelo MA, diminuíram. Para os DECA 1, a correlação entre os VGPs obtidos pelo MA e os obtidos pelos MAMRSS e MAMRCS foram 0,87 e 0,88, respectivamente; para os DECA 2, as correlações foram ainda menores (0,60 e 0,58) e para os DECA 3, os valores foram ainda mais baixos (0,64 e 0,65). Observa-se uma inversão no ordenamento dos reprodutores quando o MA é adotado na avaliação genética de uma população multirracial, provavelmente pelo fato do MA não considerar a variação genética entre os diferentes grupos genéticos. Conclui-se que a utilização de um modelo multirracial na avaliação genética de populações de animais produtos de cruzamentos deve maximizar o progresso genético das populações multirraciais.

Palavras-chave: população cruzada, classificação, correlação

prorato@gmail.com

ID: 351-1 Construcción y evaluación de nueva vacuna de ADN contra inhibina α (165-300) con aplicación potencial en producción animal

CARLOS LUNA PALOMERA, ROGELIO ALEJANDRO ALONSO MORALES, AMANDA GAYOSSO-VAZQUEZ, VIANEY RAMÍREZ ANDONEY, JUAN GONZÁLEZ-GONZÁLEZ, JULIO ARMANDO AGUILAR CABRALES

¹ UJAT - División Académica de Ciencias Agropecuarias, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, ² UNAM - Departamento de Genética y Bioestadística. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México

Introducción: La inhibina alfa (INHA) es una glicoproteína heterodimérica secretada en las células de la granulosa en el ovario. Esta hormona inhibe fuertemente la síntesis y secreción de la hormona folículo estimulante (FSH). La inmunoneutralización de la INHA endógena con péptidos sintéticos y recombinantes incrementa la foliculogénesis, los niveles de FSH y tasa ovulatoria en animales domésticos. Novedosamente se han desarrollado vacunas de ADN contra INHA (1-32) con resultados alentadores en la fertilidad, pero se desconoce el desarrollo y efectos de vacunas contra el péptido maduro de la INHA. El objetivo fue el desarrollo de una vacuna de ADN contra INHA (165-300) adicionando secuencias de modificadores de la respuesta inmune del toxoide tetánico P2 y P30, y su respuesta sobre la fertilidad y tamaño de camada en ratones. **Materiales y Métodos.** A partir de ADN genómico de porcino se amplificó por PCR el fragmento del péptido maduro de INHA (165-300). Los fragmentos fueron purificados y ligados en el vector pGEM-T. Se comprobó mediante secuenciación su correspondencia con las secuencias reportadas en el GenBank del NCBI (NM_214189). Se transformaron células competentes DH alfa 5 de E. coli, las cuales se crecieron en LB agar con ampicilina. Se comprobó por PCR y secuenciación la correspondencia con el péptido maduro. A los iniciadores se les agregó las secuencias del toxoide tetánico P2 y P30. se comprobaron las construcciones mediante secuenciación. El fragmento se ligó en el vector de expresión pCIneo (Promega). Se transformaron células competentes DH alfa 5 de E. coli, y a partir de las colonias positivas se comprobó la presencia del

fragmento por PCR y secuenciación. Finalmente se crecieron colonias transformadas y se purificó el plásmido. Se evaluó su expresión in vitro en células de mamífero y se purificó el péptido recombinante. Para evaluar la antigenicidad de la vacuna, se inoculó IM a un grupo de ratones (INHA, n=9) 100 microgramos del plásmido de INHA, y 14 d después se inoculó IM 100 microgramos del péptido recombinante. El grupo control (n=8) recibió PBS. Se evaluó el tamaño de camada y los niveles de anticuerpo por ELISA. Resultados. La fertilidad de los ratones fue similar entre INHA (67%) y control (60%). El número de ratones por camada en INHA (8.67) fue mayor (P

Palavras-chave: INHA, vacuna de ADN, Comportamiento reproductivo, mouse

carlos.luna@ujat.mx

ID: 527-1 Efeito da Suplementação de Ácido Cítrico na Expressão do Gene *SGLT1* no Intestino de Codornas de Postura

JOSÉ APARECIDO SANTOS DE JESUS, THAIS PACHECO SANTANA, RENNÊ BOMFIM SILVA, ELIANE GASPARINO, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA, GREGÓRIO MURILO DE OLIVEIRA JUNIOR, ANA PAULA DEL VESCO

¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UEM - Universidade Estadual de Maringá

Os ácidos orgânicos de cadeia curta, entre eles o ácido cítrico, são utilizados em dietas para animais por apresentarem atividade antimicrobiana no intestino. Desta forma, este trabalho foi desenvolvido sob a hipótese de que tal atividade poderia alterar a expressão de alguns genes, como o Cotransportador Sódio-Glicose 1 (*SGLT1*), responsável pela síntese da proteína carreadora de glicose, e assim, influenciar a absorção de nutrientes pelas vilosidades intestinal. Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da suplementação de ácido cítrico sobre a expressão do gene *SGLT1* no duodeno de codornas de postura. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos. Sessenta codornas de postura de sete dias de idade foram distribuídas nos três tratamentos (trat 1: 0,00%; trat 2: 0,06%; trat 3: 1,2% de inclusão de ácido cítrico na dieta, n=20). Para a avaliação da expressão gênica, quatro codornas de cada tratamento foram abatidas por deslocamento cervical aos 35 dias de idade. O tecido do duodeno foi coletado e armazenado em RNA holder à -20°C até o momento da extração de RNA. O cDNA foi amplificado usando primers específicos para o gene alvo, e a expressão foi avaliada pela qRT-PCR. As aves que receberam o maior nível de suplementação de ácido cítrico na dieta apresentaram significativamente ($P < 0,05$) a maior expressão do gene *SGLT1* (0,120 UA). Não houve diferença significativa entre os animais dos tratamentos 1 e 2 (0,019, e 0,026, respectivamente). A glicose é um importante metabólito na produção de energia para as aves e sua absorção pelo intestino é mediada também por meio da proteína carreadora de glicose. Dessa forma, nossos resultados sugerem que ácido cítrico pode influenciar a expressão do gene *SGLT1* em codornas de postura, e que a suplementação de 1,2% deste nutriente na dieta pode contribuir para melhor absorção de glicose.

Palavras-chave: ácido orgânico, codorna, transportador intestinal

aparesidosj@hotmail.com

ID: 180-2 **COMPOSIÇÃO CENTESIMAL DA CARNE OVINA DE DIFERENTES GENÓTIPOS**

RENATA TEIXEIRA ALENCAR, FRANCISCA THAÍS BEZERRA DE MOURA FERRO, YARA ARRUDA MAGALHÃES, TIBERYO MENDES BRITO, ANA EDINA DE ARAÚJO, THYARLON BERGSON CHAVES LIMA, ALINE VIEIRA LANDIM, HÉLIO HENRIQUE ARAÚJO COSTA

¹ UVA - UNIVERSIDADE ESTADUAL VALE DO ACARAÚ, ² CNPCO - EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS

A utilização de cruzamentos tem sido uma ferramenta utilizada a fim de melhorar a qualidade da carne ovina, visto que o mercado consumidor, embora seja reduzido no país, tem sido exigente quanto à qualidade do produto. Contudo, objetivou-se avaliar a composição centesimal da carne de diferentes genótipos criados no semiárido brasileiro. Utilizou-se 20 cordeiros machos, não-castrados, distribuídos em dois grupos genéticos, sendo 10 cordeiros Rabo Largo e 10 Santa Inês x Rabo Largo. Os animais foram terminados em confinamento com aproximadamente 120 dias de idade e peso médio de 18 kg, alimentados duas vezes ao dia com dieta constituída de capim canarana erecta lisa (*Echinocloa pyramidalis*) e ração concentrada à base de milho, farelo de soja e calcário. Todos os procedimentos e manuseio dos animais experimentais foram realizados de acordo com os protocolos aprovados pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da Universidade Estadual Vale do Acaraú - UVA (nº003.04.015.UVA.504.02). Após o abate, foi obtido o *Longissimus dorsi*, que foi embalado, identificado e encaminhado para análise. Para a determinação da composição centesimal realizou-se as análises de umidade, cinzas, proteínas e lipídios. Não houve diferença ($P>0,05$) entre os grupos genéticos para os teores de umidade, cinzas, proteínas e lipídios do músculo, que apresentaram valores médios de 76,26%, 1%, 22,06% e 2,42%, respectivamente. Os resultados para composição centesimal da carne encontram-se de acordo com os valores encontrados na literatura para carne de cordeiros, o que é de grande importância, visto que o teor de lipídios pode atuar de forma negativa no momento da aquisição do produto, uma vez que os consumidores apresentam restrições ao consumo de gorduras. A utilização da raça Santa Inês como base paterna não influencia a composição centesimal da carne de cordeiros Rabo Largo, podendo ser utilizadas com alternativa em sistemas de produção de carne ovina no semiárido Nordeste.

Palavras-chave: carne, lipídios, ovinos

renata.teixeira.alencar@gmail.com

ID: 527-2 **Expressão do Gene *B⁰AT1* no Intestino de Codornas de Postura Alimentadas Com Diferentes Níveis de Ácido Cítrico**

JOSÉ APARECIDO SANTOS DE JESUS, THAIS PACHECO SANTANA, RENNÊ BOMFIM SILVA, ELIANE GASPARINO, ADRIANO SILVA NUNES, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA, ANA PAULA DEL VESCO

¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UEM - Universidade Estadual de Maringá

O bom desempenho dos animais está diretamente relacionado com a capacidade de absorção dos nutrientes, seguida da deposição de massa muscular. O ácido cítrico vem sendo utilizado em dietas para animais como melhorador de desempenho por exercer efeito antimicrobiano sobre alguns microrganismos intestinais. Sendo assim, este trabalho foi conduzido sob a hipótese que o ácido cítrico poderia influenciar a expressão de genes relacionados ao transporte de nutrientes no intestino, e então, alterar a absorção dos nutrientes presentes nas dietas. Visto isso, o objetivo do presente estudo foi avaliar a expressão do transportador de aminoácidos *B⁰AT1* no duodeno de codornas de postura alimentadas com diferentes níveis de ácido cítrico. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos. Sessenta codornas de postura de sete dias de idade foram distribuídas nos três tratamentos (trat 1: 0,00%; trat 2: 0,06%; trat 3: 1,2% de inclusão de ácido cítrico na dieta, n=20). Para a avaliação da expressão gênica, quatro codornas de cada tratamento foram abatidas por deslocamento cervical aos 35 dias de idade. O tecido do duodeno foi coletado e armazenado em RNA holder à -20°C até o momento da extração de RNA. O cDNA foi amplificado usando primers específicos para o gene alvo, e a expressão foi avaliada pela qRT-PCR. O gene *B⁰AT1* foi significativamente ($P < 0,05$) menos expresso nos animais que receberam dieta sem suplementação de ácido cítrico (trat 1; 0,0038 UA). As maiores expressões do *B⁰AT1* foram observadas nas aves dos tratamentos 2 e 3, 0,0186 e 0,0307 UA, respectivamente. Já que a suplementação de ácido cítrico aumentou a expressão do gene *B⁰AT1*, sugere-se que pode haver melhor transporte e absorção de aminoácidos no intestino de codornas de postura alimentadas com este ácido orgânico.

Palavras-chave: ácido orgânico, eficiência alimentar, transporte de aminoácido

aparesidosj@hotmail.com

ID: 256-1 **Análise Multivariada da Produção de leite e Medidas Morfométricas do Úbere de Cabras da Raça Saanen**

MARIA ANDREIA ALVES GALVAO, MARIA APARECIDA MACHADO DE ALBUQUERQUE, ALAN LOPES DE AGUIAR, DIEGO RODRIGUES DE SOUSA, MICHELLE SANTOS DA SILVA, ALEXANDRE WEICK UCHOA MONTEIRO, RAIMUNDO NONATO BRAGA LOBO

¹ UFC - Universidade Federal do Ceará, ² UVA - Universidade Estadual Vale do Acaraú, ³ UVA - Universidade Estadual Vale do Acaraú, ⁴ UFC - Universidade Federal do Ceará, ⁵ UFC - Universidade Federal do Ceará, ⁶ EMPRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, ⁷ EMPRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

A morfologia do úbere expressa influência direta sobre a ordenha mecânica, a saúde do úbere e a capacidade de produção de leite. Desta maneira, o estudo da conformação morfológica do sistema mamário dos animais

leiteiros pode auxiliar na eficiência e redução do tempo de ordenha, na seleção para a produção de leite, bem como, favorecer a capacidade de permanência dos animais no rebanho. Como são várias características que compõem a morfologia do úbere, é importante conhecer suas inter-relações, além de suas associações com a produção de leite. A análise multivariada permite elucidar a informação a partir da sobreposição de variáveis correlacionadas, de forma a simplificar e expressar o que está acontecendo em um menor conjunto de dimensões. Portanto, este trabalho avaliou as relações existentes entre as características morfológicas de úbere e a produção de leite de cabras da raça Saanen, por meio da análise de componentes principais (CP), para identificar o conjunto de características que apresentam relevâncias a serem consideradas na caracterização da produção de leite desses animais. Foram avaliadas dezoito matrizes pertencentes ao rebanho da Embrapa Caprinos e Ovinos, com pouco mais de 30 dias de lactação. As características morfológicas (MORF) mensuradas foram: profundidade do úbere (PU), perímetro do úbere (PRU), distância do teto ao solo (DTS), distância entre tetos (DET), comprimento e diâmetro do teto (CT e DT). Entre as MORF a maior correlação foi observada entre diâmetro e comprimento do teto (0,71; P

Palavras-chave: componentes principais, correlações, dimensão dos tetos, produção de leite, profundidade de úbere

galvaoandrea.m@gmail.com

ID: 548-1 **Comparação de linhagens da raça Canchim quanto à resistência aos ectoparasitas**

RODRIGO GIGLIOTI, TALITA BARBAN BILHASSI, THUANE CAROLINE GONÇALVES, CLARISSA HELENA SANTANA, AMANDA PORTILHO IZELI, CINTIA RIGHETTI MARCONDES, HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA, MÁRCIA CRISTINA DE SENA OLIVEIRA

¹ UNESP/FCAV - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Unesp/FCAV, Jaboticabal, SP, ² CPPSE - Embrapa Pecuária Sudeste, ³ UNICEP - Centro Universitário Central Paulista

As infestações pelo carrapato *Rhipicephalus microplus*, pela mosca-dos-chifres, *Haematobia irritans* e pelas larvas de *Dermatobia hominis*, provocam extensos prejuízos à atividade pecuária no Brasil. A seleção de animais mais resistentes pode facilitar o controle destes parasitas e aumentar a eficiência dos sistemas de produção de carne. O objetivo do presente estudo foi verificar a ocorrência de diferenças na resistência a estes ectoparasitas em 45 fêmeas Canchim de duas linhagens diferentes (L1=17 e L2=28). As fêmeas foram colocadas em piquetes logo após o desmame (oito meses de idade) e passaram a ser monitoradas mensalmente, por 25 meses (agosto de 2013 a agosto de 2015). Foram contadas todas as fêmeas adultas de *R. microplus* presentes no lado esquerdo dos animais, todas as moscas-dos-chifres presentes na região dorsal e as larvas de *D. hominis* presentes em todo corpo dos animais. Para análise estatística, os dados referentes às contagens foram transformados em log₁₀ (n+1) e analisados pelo procedimento de modelos mistos PROC MIXED do SAS (2202/2003). Os efeitos fixos incluídos no modelo foram linhagem (L1 e L2) e mês/ano da colheita (CO) e a interação, sendo utilizada uma estrutura de simetria composta como matriz de (co)variância das medidas repetidas no mesmo animal. As médias e erros-padrão foram comparadas pelo

teste de Tukey ($P<0,05$) para os diferentes ectoparasitas analisados. Para as contagens de *R. microplus* e *H. irritans* foram verificados efeitos significativos ($P<0,05$) para todos os fatores testados, enquanto que, para as contagens de larvas de *D. hominis* apenas CO mostrou efeito significativo ($P<0,05$). As médias das contagens transformadas de *R. microplus* e *H. irritans* para as linhagens L1 e L2 foram 0.39 ± 0.04 e 0.56 ± 0.03 , 1.10 ± 0.06 e 1.25 ± 0.05 , respectivamente. As repetibilidades encontradas para *R. microplus*, *H. irritans* e larvas de *D. hominis* foram 0,20, 0,28 e 0,09, respectivamente. O presente estudo mostrou que é possível diminuir infestações por ectoparasitas, especialmente por *R. microplus* e *H. irritans*, usando linhagens de bovinos mais resistentes.

Palavras-chave: bovinos, resistência, ectoparasitas, linhagens

gigliotirodrigo@gmail.com

ID: 261-1 **CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E MORFOMÉTRICAS DE OVELHAS NATURALIZADAS CRIADAS NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO**

ELANE DUARTE SOARES, FRANCISCA THAÍS BEZERRA DE MOURA FERRO, ADAILTON CAMELO COSTA, LUIZA DE NAZARÉ CARNEIRO DA SILVA, RODRIGO DA SILVA CARVALHO, RENATA TEIXEIRA ALENCAR, ALINE VIEIRA LANDIM, HÉLIO HENRIQUE ARAÚJO COSTA

¹ UVA - UNIVERSIDADE ESTADUAL VALE DO ACARAÚ, ² CNPCO - EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS, ³ UFC - UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ

A principal vantagem da criação de raças nativas no semiárido se dá pela adaptação as condições adversas da caatinga, o que favorece ao produtor obter como resultado o melhor desempenho produtivo do animal. Dentre as raças nativas da região nordeste se sobressai às raças Morada Nova com a variedade Vermelha (MNV) e Branca (MNB) e Rabo Largo (RL). Contudo, objetivou-se avaliar as características produtivas e morfométricas de ovelhas MNV, MNB e RL. Utilizou-se 28 ovelhas multíparas, sendo MNV (n=10), MNB (n=08) e RB (n=10). Os animais pela manhã permaneciam em caatinga raleada e ao final da tarde recebiam suplementação a base de milho, tendo acesso a volumoso de capim canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*) água e sal mineral à vontade. Os animais foram observados durante período de estação de monta e ao o parto, onde foram coletados o peso, escore corporal e as características morfométricas tais como: altura de cernelha, altura da garupa, comprimento corporal e perímetro torácico, em todos os animais. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado e as médias comparadas pelo teste de Duncan a 5%. As raças RB e MNB obtiveram maior peso corporal na estação de monta, entretanto as MNV apresentaram melhor condição corporal, logo o peso não é um bom indicador de estado nutricional. Outra característica observada foi o escore corporal na estação de monta para as raças MNB, MNV e RB foram 2,90, 2,93, 1,92 respectivamente, entretanto em comparação ao peso corporal após o parto não houve diferença ($P>0,05$) entre as raças RB e MNB. Em relação às características morfométricas tais como altura de cernelha e altura de garupa observou-se que as maiores medidas foram das ovelhas RB e MNB, devido o padrão racial desses animais apresentar maior porte que MNV, quanto ao comprimento corporal e o

perímetro torácico nota-se que a variedade MNB e RB apresentaram maiores medias quando comparadas a MNV, o que pode ser explicado, pois se caracteriza por ser uma raça de pequeno porte. Conclui-se que uma boa condição corporal pode não estar vinculada ao peso, visto que a raça MNB apresentou melhor condição corporal com menor peso, quando comparada a variedade de MNV e a raça RB.

Palavras-chave: Morfometria, Ovinos, Peso, Produção, Semiárido

elane_05soares@hotmail.com

ID: 548-2 **Correlação entre os níveis de infecção por *Babesia bovis*, *Babesia bigemina* e *Anaplasma marginale* determinados por qPCR e infestações por *Rhipicephalus microplus* em fêmeas Canchim**

RODRIGO GIGLIOTI, TALITA BARBAN BILHASSI, CLARISSA HELENA SANTANA, AMANDA IZELLI PORTILHO, ROZÂNGELA ZACARIAS MACHADO, HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA, CINTIA RIGHETTI MARCONDES, MÁRCIA CRISTINA DE SENA OLIVEIRA

¹ UNESP/FCAV - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Unesp/FCAV, Jaboticabal, SP, ² CPPSE - Embrapa Pecuária Sudeste, ³ UNICEP - Centro Universitário Central Paulista

Os hemoparasitas são responsáveis por significativa redução na produtividade de bovinos criados em regiões tropicais do Brasil, onde o carrapato transmissor *Rhipicephalus microplus* ocorre de forma endêmica. A seleção de animais mais resistentes a estas doenças pode aumentar a produtividade dos rebanhos de corte. Assim, o objetivo desse experimento foi verificar a existência de correlação entre os níveis de infecção por *Babesia bovis*, *B. bigemina* e *Anaplasma marginale* e infestações naturais por *R. microplus* em fêmeas da raça Canchim. Para isto foram monitoradas durante 25 meses (agosto de 2013 a agosto de 2015), 45 bezerras de duas linhagens (L1=17 e L2=28). Mensalmente foram colhidas amostras de sangue da veia jugular e foram contadas todas as fêmeas de carrapato com diâmetro superior a 4,5 mm, presentes no lado esquerdo dos animais. O DNA foi extraído usando o Kit Easy DNA (Invitrogen, EUA), a partir de 300µL de sangue. As reações de qPCR para *B. bovis* e *B. bigemina* foram preparadas com iniciadores que amplificam uma região do gene que codifica o citocromo B (*mt-cytB*) com 88 pb e para *A. marginale* sequências que flanqueiam o gene que da proteína principal de superfície 1b (*MSP1b*), com 95 pb. As reações foram preparadas usando o Evagreen® (BioRad) e o número de cópias (NC) em cada amostra foi determinado no equipamento CFX 96 Touch™ Real-time PCR detection System (Biorad). Os dados de NC e contagens de carrapatos foram transformados em log10 (n+1) para aproximação de distribuição normal e foram analisados pelo procedimento Mixed do SAS, no qual o modelo incluiu o efeito de mês/ano de colheita, linhagem (L1 e L2), espécie de parasita e interações. As análises revelaram diferenças significativas ($P<0,05$) entre o NC das três espécies de hemoparasitas. O NC de *A. marginale* ($3,35\pm0,05$) foi maior que o de *B. bovis* ($1,80\pm0,04$) e *B. bigemina* ($1,87\pm0,05$), e os dois últimos não diferiram. As repetibilidades encontradas para os NC de *B. bovis*, *B. bigemina* e *A. marginale* foram 0,18, 0,15 e 0,27, respectivamente. As correlações entre os NC de *B. bovis*, *B. bigemina* e *A. marginale* com *R. microplus* foram baixas: 0,10; 0,04 e 0,03, respectivamente. Os resultados mostraram que, nas condições do presente estudo, os níveis de

infecção pelos hemoparasitas não são um bom indicativo da resistência/suscetibilidade, porque dependeram mais de fatores relacionados a época da colheita, que de fatores intrínsecos do animal.

Palavras-chave: hemoparasitas, bovinos, qPCR, ELISA-teste, correlação

gigliotirodrigo@gmail.com

ID: 548-3 **Estudo da resistência a endoparasitas em duas linhagens de bovinos da raça Canchim**

RODRIGO GIGLIOTI, TALITA BARBAN BILHASSI, AMANDA IZELLI PORTILHO, THUANE CAROLINE GONÇALVES, THALITA ATHIÊ NÉO, CINTIA RIGHETTI MARCONDES, HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA, MÁRCIA CRISTINA DE SENA OLIVEIRA

¹ UNESP/FCAV - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Unesp/FCAV, Jaboticabal, SP, ² CPPSE - Embrapa Pecuária Sudeste, ³ UNICEP - Centro Universitário Central Paulista, ⁴ UFSCar - Universidade Federal de São Carlos

A utilização de bovinos mais produtivos e resistentes aos endoparasitas pode gerar grandes benefícios à bovinocultura brasileira. Canchim é uma raça adaptada com boa produtividade, porém, a sua resistência aos endoparasitas é pouco conhecida. O objetivo do presente estudo foi avaliar 45 bezerras Canchim de duas linhagens (L1=17, L2=28) com relação à resistência aos endoparasitas. Os animais tinham idades médias de oito meses ao início de experimento e foram avaliados mensalmente em 25 ocasiões entre agosto de 2013 e agosto de 2015. Foram colhidas amostras de fezes para as contagens de ovos por gramas de fezes (OPG) e para aquelas que apresentaram OPG maior que zero, foram preparadas coproculturas, para determinação dos gêneros prevalentes. A partir das proporções de larvas foram estimados o OPG de cada gênero de helminto por animal e colheita. As contagens de OPG total e por gênero foram transformados em $\log_{10}(n + 1)$, onde n representa OPG. Os dados de OPG total foram analisados pelo procedimento de modelos mistos PROC MIXED do SAS (2202/2003), onde os efeitos fixos foram linhagem (L1 e L2), mês/ano da colheita (CO) e sua interação. As análises de OPG por gênero, foram realizadas conjuntamente, sendo incluídos no modelo os efeitos de gênero, linhagem e interação gênero e colheita. Foi utilizado um modelo de matriz de simetria composta para as medidas repetidas no mesmo animal. As médias e erros-padrão foram comparadas pelo teste de Tukey ($P < 0,05$) para os diferentes endoparasitas. Nas análises com OPG total foi observado efeito significativo ($P < 0,05$) apenas para CO. A distribuição das médias de OPG ao longo das colheitas foram semelhantes para as duas linhagens. A repetibilidade estimada para OPG foi de 0,18. Nas análises com OPG por gênero, foi verificado efeito significativo ($P < 0,05$) de CO, gênero do helminto e interação gênero e colheita. O gênero prevalente foi *Haemonchus* spp. (1.68 ± 0.06), seguido de *Trichostrongylus* spp. (0.86 ± 0.06), *Cooperia* spp. (0.51 ± 0.06) e *Oesophagostomum* spp. (0.39 ± 0.06), sendo que estes dois últimos não diferiram ($P > 0,05$). Não foram encontradas diferenças na resistência aos endoparasitas nas duas linhagens avaliadas.

Palavras-chave: bovinos, Canchim, resistência, OPG

gigliotirodrigo@gmail.com

ID: 613-1 Estimativas de parâmetros genéticos para o crescimento pré-desmama, em caprinos da raça Boer no Estado da Paraíba

LENICE MENDONÇA DE MENEZES, WANDRICK HAUSS DE SOUSA, EDGARD CAVALCANTI PIMENTA FILHO, LUCIANA WATANABE SHIBATA, FELIPE QUEIROGA CARTAXO

¹ EMEPA-PB - Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, ² UFPB - Universidade Federal da Paraíba

O crescimento na fase inicial da vida de um animal tem sido utilizado como indicador precoce do desenvolvimento na fase pós-desmama, de forma que a seleção dos animais, com base nas pesagens iniciais pode representar uma boa alternativa para sistemas de produção de carne caprina, onde o objetivo seja o abate de animais jovens e precoces. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para os pesos ao nascimento e ao desmame (112 dias de idade), em uma população de caprinos da raça Boer, criados no Nordeste do Brasil. Foram utilizados registros de 1011 animais da raça Boer, pertencentes à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba – EMEPA/PB, nascidos entre 1997 e 2013. As análises foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita, pelo programa WOMBAT. Foram realizadas análises bivariadas, relacionando os pesos ao nascimento e aos 28 dias. As herdabilidades diretas e os seus respectivos erros-padrão, obtidos das análises bivariadas foram iguais a $0,12 \pm 0,09$ para PN e $0,34 \pm 0,14$ para PD. Estes resultados indicam que ganhos genéticos significativos podem ser obtidos ao selecionar os animais para estas características. A estimativa de correlação genética direta entre os pesos ao nascimento e ao desmame ($-0,27 \pm 0,4$) indica que a seleção para maiores pesos ao nascimento deverá levar a menores pesos ao desmame, ressaltando a importância de selecionar animais com menores pesos ao nascimento e maiores ganhos de peso na fase entre o nascimento e a desmama, como indicador de precocidade, sem acarretar incremento no PN. As herdabilidade maternas para os pesos ao nascimento e ao desmame foram iguais a $0,03 \pm 0,08$ e $0,15 \pm 0,09$, respectivamente. Estes resultados indicam uma maior importância dos efeitos genéticos maternos na fase pós-nascimento, o que pode ser justificado pela forte dependência das crias ao ambiente materno na fase pré-desmame. As correlações entre os efeitos genéticos direto e materno para os pesos ao nascimento e ao desmame foram iguais a $-0,64 \pm 0,7$ e $-0,91 \pm 0,2$, respectivamente, indicando uma inversão de importância dos efeitos genéticos direto e materno, tanto para o peso ao nascimento quanto para o peso ao desmame, de forma que, à medida que cresce a importância do efeito genético direto, é reduzida a do efeito genético materno, o que está de acordo com o esperado para o comportamento do crescimento animal. Estes resultados indicam que a seleção para os pesos ao nascimento e ao desmame pode ser praticada, com possibilidade de ganhos genéticos superiores para o peso ao desmame. Além disso, o efeito materno deve ser considerado na seleção para estas características, bem como o antagonismo entre este efeito e o genético direto.

Palavras-chave: correlações, efeito materno, herdabilidade, pequenos ruminantes, REML

wandrick@gmail.com

ID: 180-1 **CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DA CARNE DE OVINOS RABO LARGO PUROS E CRUZADOS**

RENATA TEIXEIRA ALENCAR, ELANE DUARTE SOARES, ADAILTON CAMELO COSTA, LUIZA DE NAZARÉ CARNEIRO DA SILVA, JOÃO DOS SANTOS GOMES, ANA SANCHALVEIRA BATISTA, LISIANE DORNELES DE LIMA, ALINE VIEIRA LANDIM

¹ UVA - UNIVERSIDADE ESTADUAL VALE DO ACARAÚ, ² CNPCO - EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS

O perfil de consumidores mais exigentes tem induzido a melhoria da qualidade de carne ovina, e para atender as necessidades deste mercado o uso de raças naturalizadas em sistemas de cruzamentos vem se tornando cada vez mais presente, uma vez que os produtos apresentam maior vigor híbrido, melhorando as características da carne. Contudo, objetivou-se avaliar as características físicas da carne de diferentes genótipos criados no semiárido nordestino. Utilizou-se 20 cordeiros machos, não-castrados distribuídos em dois grupos genéticos, sendo 10 cordeiros Rabo Largo (RL) e 10 Santa Inês x Rabo Largo (SI x RL). Os animais foram terminados em confinamento com aproximadamente 120 dias de idade e peso médio de 18 kg, alimentados duas vezes ao dia com dieta constituída de capim canarana erecta lisa (*Echinocloa pyramidalis*) e ração concentrada à base de milho, farelo de soja e calcário. Todos os procedimentos e manuseio dos animais experimentais foram realizados de acordo com os protocolos aprovados pelo Comitê de Ética no Uso de Animais da Universidade Estadual Vale do Acaraú -UVA (protocolo nº003.04.015.UVA.504.02). Após o abate, foi obtido o *Longissimus dorsi*, que foi embalado, identificado e encaminhado para análise. Avaliou-se a perda de peso por cocção, capacidade de retenção de água e força de cisalhamento. Não houve diferença ($P>0,05$) entre os grupos genéticos para as variáveis estudadas. Foram obtidos para capacidade de retenção de água (CRA), perda de peso por cocção (PPC) e força de cisalhamento (FC) valores médios de 63,89%, 55,14% e 4,92 kgf/cm², respectivamente. Os valores encontrados para CRA foram baixo e para PPC elevado quando comparados aos resultados encontrados na literatura, podendo acarretar em uma maior liberação de fluidos na carne na hora da cocção. Para FC o valor encontrado no estudo é considerado baixo, podendo ser justificado pela idade ao abate dos animais, mostrando que a carne dos dois genótipos é considerada macia. Os grupos genéticos não influenciaram a qualidade da carne ovina nos aspectos de maciez e suculência.

Palavras-chave: cordeiros, perda por cocção, textura

renata.teixeira.alencar@gmail.com

ID: 143-2 **Adição de ácido cítrico na ração sobre a expressão de mRNA SOD no intestino de codornas de postura**

THAÍS PACHECO SANTANA, JOSÉ APARECIDO SANTOS DE JESUS, RENNÊ BOMFIM SILVA, ADRIANO SILVA NUNES, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA, ELIANE GASPARINO, ANA PAULA DEL VESCO

¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UEM - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ

Melhor ação do sistema imune e ótimo desempenho produtivo são observados em animais que são alimentados com dietas devidamente balanceadas. Sendo assim, tem aumentado o uso de alguns nutrientes que podem alterar a composição bacteriana intestinal. Diante disso, este trabalho foi desenvolvido sob a hipótese de que a suplementação de ácido cítrico poderia reduzir a concentração de bactérias patogênicas nos intestinos, e assim, minimizar os desafios no ambiente intestinal, modificando a necessidade, a expressão e a atividade de agentes antioxidantes. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da adição de ácido cítrico na dieta sobre a expressão do gene Superóxido dismutase (*SOD*) no duodeno de codornas de postura. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos. Sessenta codornas (*Coturnix japonica*) de postura de sete dias de idade foram distribuídas nos três tratamentos (trat 1: 0,00%; trat 2: 0,06%; trat 3: 1,2% de inclusão de ácido cítrico na dieta, n=20). Para a avaliação da expressão gênica, quatro codornas de cada tratamento foram abatidas por deslocamento cervical aos 35 dias de idade. O tecido do duodeno foi coletado e armazenado em RNA holder à -20°C até o momento da extração de RNA. O cDNA foi amplificado usando primers específicos para o gene alvo, e a expressão foi avaliada pela qRT-PCR. As aves alimentadas com maior nível de suplementação de ácido cítrico (trat 3) apresentaram significativamente (*PSOD* (0,3455 UA). Não houve diferença entre os animais dos tratamentos 1 e 2 (1,3483 e 1,5331 UA, respectivamente). Pode-se concluir que a suplementação de 1,2 % de ácido cítrico na dieta pode reduzir a expressão de mRNA *SOD*.

Palavras-chave: acidificantes, antioxidantes, nutrigenômica, superóxido dismutase

thaisp100@gmail.com

ID: 175-2 **PRIMARIEDAD EN MAJADAS OVINAS DE LA CUENCA DE PRODUCCIÓN LOS BORDOS, PROVINCIA DE LA RIOJA-ARGENTINA**

MICHEL VICTOR HUBERT HICK, LEONARDO ATILIO RIVA DE NEYRA, MARÍA FLAVIA CASTILLO, JULIO ALBERTO MEDINA, EDUARDO NARCISO FRANK

¹ UCC-CONICET - Universidad Católica de Córdoba-Unidad Asociada al CONICET, ² UNLAR, UCHA - Universidad Nacional de La Rioja, Sede Chamental

Existen evidencias que a lo largo de la Provincia de La Rioja como en numerosas otras regiones de la República Argentina, la población ovina conserva una gran variabilidad o primariedad. Dicha variabilidad se observa en sus características etnozootécnicas incluido su producto zoógeno lana y el biotipo genéricamente se denomina como "criollo". En 2015 se iniciaron los estudios de primariedad en una primera zona o cuenca de producción denominada Los Bordos. Dicha cuenca de producción se encuentra en el departamento Chamental de la mencionada provincia, al norte de la ciudad homónima. En dicha cuenca de producción se

determinó el grado de primariedad y estandarización mediante índices basados en marcadores fenotípicos. Se utilizó la metodología de «estructura poblacional» y se realizaron relevamientos de diferentes características etnozootécnicas de los animales incluída la obtención de una muestra de vellón. Se relevaron y muestrearon 83 ovinos de un total de 162 pertenecientes a 5 majadas de la cuenca de producción de Los Bordos, Provincia de La Rioja. Se utilizaron 12 caracteres y 38 variantes fenotípicas asociadas a morfología (cuerno, cola, conformación, cabeza y pezuñas), cobertura (cabeza, patas y cuerpo), fenotipo de color (patrón pigmentario y diseño de la mancha blanca) y características de la lana (color y tipo de mecha). Para la evaluación de la primariedad se confeccionaron y analizaron tres índices: un índice de caracteres en variación o segregación (IPCV), otro referido a variantes fenotípicas observadas (IPVF) y un tercero basado en notas de arcaísmo (IPNA). Dichos índices varían entre 0 y 1, donde valores cercanos a 0 indican mayor estandarización y valores cercanos a 1 mayor primariedad o arcaísmo. Dichos tres índices se calcularon para cada majada y también para toda la población. Los valores medios y errores estándar, junto a máximos y mínimos hallados fueron: $0,53 \pm 0,11 / 0,25 / 0,83$ para IPCV; $0,36 \pm 0,08 / 0,19 / 0,58$ para IPVF y $0,50 \pm 0,02 / 0,45 / 0,57$ para IPNA. Los valores poblacionales fueron 0,75 para IPCV; 0,58 para IPVF y 0,51 para IPNA. Se pudo observar situaciones generalizadas de primariedad o arcaísmo en la cuenca de producción estudiada. No obstante, en base a los dos primeros índices se puede señalar situaciones dispares de primariedad; en tanto en cuanto al tercer índice basado en notas de arcaísmo se puede indicar la presencia de biotipos primitivos con escasa influencia de biotipos de reciente aparición.

Palavras-chave: Arcaísmo, Estandarización, Criolla, Lana

michelhick@agro.ucc.edu.ar

ID: 71-1 POLIMORFISMOS DO GENE LACTOFERRINA EM REBANHOS LEITEIROS HOLANDÊS E GIROLANDO, NA REGIÃO SEMIÁRIDA DE PERNAMBUCO, BRASIL¹.

CLAUDIA TENÓRIO DE NORONHA, WELLISOM JARLES S. DINIZ, EDSONELSON PHELIPE MORAIS LUNA, JÚLIO CÉSAR VIEIRA DE OLIVEIRA, SEBASTIÃO INOCÊNCIO GUIDO, KLEBER RÉGIS SANTORO, MARIA DAS DORES SILVA ARAÚJO

¹ UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco

Conhecer a diversidade genética de uma determinada população permite a realização da seleção genética em função do objetivo que se deseja alcançar. A lactoferrina é uma glicoproteína capturadora de ferro, que apresenta funções: antibacteriana, anti-inflamatória, defesa contra infecções gastrointestinais, possivelmente promove o crescimento de linfócitos e células intestinais, age em sinergismo com imunoglobulinas, matando ou inibindo o crescimento bacteriano por privá-las do ferro. Em regiões semiáridas, o estresse térmico e ambiental pode acelerar e facilitar a ocorrência de infecções, além disso, a diversidade genética na região ainda é desconhecida. Neste aspecto, o objetivo desta pesquisa foi avaliar a variabilidade do gene lactoferrina em rebanhos de uma região semiárida, a partir da análise de polimorfismo de conformação de fita simples (PCR-SSCP). Foram utilizadas 161 fêmeas pertencentes aos rebanhos de referência do Instituto

Agrônomo de Pernambuco (IPA), dos quais 56 Holandês e 105 Girolando (5/8 Holandês – 3/8 Gir). O DNA extraído das amostras de sangue total foi amplificado e submetido à PCR-SSCP, os produtos foram visualizados em fotodocumentador após eletroforese em gel de poliacrilamida a 8%, os dados foram analisados com o software Arlequin 3.5.2.1. Os fragmentos amplificados apresentaram dois padrões de polimorfismo, genótipo aa (57,00%) e bb (43,00%). Não foi verificado o equilíbrio de Hard-Weinberg para os rebanhos, evidenciando direcionamento gênico em cada rebanho. A heterozigosidade esperada foi maior no rebanho Holandês (50,10%) que no Girolando (48,52%); demonstrando elevada variabilidade genética. No entanto, os animais Holandeses apresentaram maior variabilidade, o que não era esperado para uma raça pura e sob seleção por várias gerações, comparativamente a uma mais recente e sintética (Girolando). Uma provável causa seria a observada substituição constante de touros de origem externa ao rebanho. A diferenciação genética entre rebanhos foi significativa 0,68390 (P

Palavras-chave: genética molecular, PCR-SSCP, seleção genética

claudiatnp@hotmail.com

ID: 458-1 **Controle molecular do consumo voluntário de ração em frangos de corte: efeito do sexo e da temperatura ambiental**

ANGELICA DE SOUZA KHATLAB, ANA PAULA DEL VESCO, ELIANE GASPARINO

¹ UEM - Universidade Estadual de Maringá, ² UFS - Universidade Federal de Sergipe

O consumo voluntário de ração pode ser influenciado por fatores como a temperatura ambiental, já que o consumo parece estar relacionado ao mecanismo de controle da temperatura corporal. Também há diferença no consumo e consequentemente no desempenho entre machos e fêmeas, que pode ser atribuído entre outros fatores, à diferença na expressão de genes orexígenos/anorexígenos hipotalâmicos. Assim, nosso objetivo foi avaliar os efeitos do sexo e do ambiente sobre o desempenho animal e sobre a expressão de genes relacionados ao consumo voluntário de ração, como os genes orexígenos neuropeptídeo Y (*NPY*), proteína quinase ativada por AMP subunidade catalítica α -1 (*AMPK α -1*); e do gene anorexígeno pró- α -melanocortina (*POMC*), no hipotálamo. Para isso, frangos de corte machos e fêmeas de 42 dias de idade, recebendo dietas formuladas para atender suas exigências nutricionais, foram submetidos a ambiente com temperatura de conforto térmico ou estresse por calor (38°C por 24 horas). Observamos maior consumo de ração nos machos em relação às fêmeas. As aves em estresse térmico apresentaram menor consumo de ração e perda de peso. Houve efeito de interação entre sexo e ambiente, sobre a expressão dos genes *NPY*, *AMPK α -1* e *POMC*. Maior expressão do gene *NPY* foi observada em machos em conforto térmico, confirmando a ação orexígena do *NPY* sobre o consumo de ração. Menor expressão do gene *NPY*, foi observada nos machos em estresse térmico, sugerindo que a expressão desse gene pode ter sido suprimida pelo hormônio liberador de corticotropina liberado em resposta ao estresse. Fêmeas em conforto térmico apresentaram maior expressão do gene *POMC*, e isso pode estar relacionado à menor expressão do gene *AMPK α -1* também observada nesse sexo. Menor ação da *AMPK α -1* tem sido relacionada à ativação da proteína alvo da

rapamicina, que tem sido associada à ativação de gene *POMC*, alterando assim o consumo de ração. Esses resultados indicam que alguns genes hipotalâmicos relacionados ao consumo podem estar envolvidos nas diferenças observadas no consumo voluntário de ração de aves de diferentes sexos, e expostas a diferentes condições ambientais.

Palavras-chave: genes orexígenos, genes hipotalâmicos, genes anorexígenos

angelicakhatlabuem@gmail.com

ID: 458-2 **Expressão dos genes relacionados ao metabolismo lipídico em frangos de corte: *APOA-1*, *APOB* e *AMPK α -1***

ANGELICA DE SOUZA KHATLAB, ANA PAULA DEL VESCO, ELIANE GASPARINO

¹ UEM - Universidade Estadual de Maringá, ² UFS - Universidade Federal de Sergipe

Maior teor de gordura corporal em frangos tem sido assunto de relevante interesse, por estar relacionado à redução no rendimento de carcaça, e na aceitação do consumidor pelo produto. Estudos mostram que as fêmeas apresentam maior teor de gordura corporal que os machos, e isso pode ser devido a diferenças metabólicas e hormonais. A idade dos frangos também pode influenciar a deposição de gordura, já que maior conteúdo de gordura na carcaça é observado em frangos mais velhos em relação às aves mais novas. Assim, nosso objetivo foi avaliar se a diferença observada no teor de gordura corporal entre os frangos de sexos e idades diferentes podem ocorrer em função de diferenças na expressão de genes relacionados ao metabolismo lipídico. Para isso avaliamos o desempenho e a expressão de genes relacionados com a síntese e oxidação de lipídeos como: apolipoproteína A-I (*APOA-I*), apolipoproteína B (*APOB*) e proteína quinase ativada por AMP subunidade catalítica α -1 (*AMPK α -1*), no fígado de frangos de corte machos e fêmeas. O experimento foi conduzido em esquema fatorial 2 x 2, tendo sido avaliados dois sexos e duas idades de abate. Aos 21 dias e aos 42 dias de idade, as aves de ambos os sexo foram pesadas e abatidas por deslocamento cervical. Observamos que os machos de 42 dias de idade apresentaram maior consumo de ração. Maior ganho de peso foi observado nos machos e nas aves com 42 dias de idade. Maior expressão do gene *AMPK α -1* foi observada nos machos e nas aves com 21 dias, sugerindo que essas aves necessitam de maior aporte energético, que pode ser suprido por meio da ativação de vias metabólicas capazes de produzir ATP, como a β -oxidação mediada pela AMPK- α 1. Aves com 42 dias apresentaram menor valor de expressão do gene *APOA-I* e maior valor de expressão do gene *APOB*, sendo esses achados relacionados com a maior taxa de deposição de gordura corporal. Esses resultados sugerem que a maior deposição de gordura, geralmente observada em fêmeas e em animais mais velhos, pode decorrer em função de diferenças na expressão de genes relacionados ao metabolismo de síntese e oxidação lipídica.

Palavras-chave: metabolismo de lipídeos, sexo, idade, apolipoproteínas

angelicakhatlabuem@gmail.com

ID: 476-1 **Genome-wide mapping of loci affecting lipid and cholesterol content in meat**

FERNANDA MARCONDES DE REZENDE, GERSON ANTÔNIO DE OLIVEIRA JUNIOR, FERNANDO SEBASTIAN BALDI, MINOS ESPERÂNDIO CARVALHO, RICARDO VENTURA, PRISCILA SILVA OLIVEIRA, JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ

¹ UFU - Federal University of Uberlandia, ² USP - University of Sao Paulo, ³ UNESP - Sao Paulo State University, ⁴ BIO - Beef Improvement Opportunities

This study aimed to map genomic regions associated with lipid and cholesterol deposition evaluated in Longissimus dorsi muscle of 630 Nellore steers, grass-fed till 18 months of age, finished in feedlot and slaughtered weighting around 550 kg and 24 months of age. Genotyping process was performed by Illumina BovineHD BeadChip® (777,692 SNPs, 449 animals) and GeneSeek SNP BeadChips Bovine GGP-HDi (74,153 SNPs, 209 animals), which was imputed to Illumina BovineHD BeadChip® using FImpute software, with an accuracy of 97.51% determined by cross validation. After quality control (MAF

Palavras-chave: Bos indicus, gwas, meat quality, Nellore, snp

frezende@ufu.br

ID: 135-1 **BARIMETRIA EM CABRAS SEM PADRÃO RACIAL DEFINIDO NO SEMIÁRIDO POTIGUAR**

DANIEL GLAYDSON FARIAS GUERRA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, JESANE ALVES DE LUCENA, VITOR LUCAS DE LIMA MELO, ANDREZA KELLY SANTOS DE ANDRADE, RAISA RAQUEL DA CUNHA MENEZES, OTONIEL FÉLIX DE SOUZA, MARCELO AUGUSTO BATISTA DE LEMOS

¹ UFERSA - Universidade Federal Rural do Semiárido

A caprinocultura tem grande importância no cenário nacional principalmente na região Nordeste por suas características adaptativas. No semiárido potiguar, a maioria dos animais são oriundas de pequenos produtores e não possuem padrão racial definido. A caracterização fenotípica de um determinado grupo racial é indispensável para viabilizar sua exploração. A produtividade desses animais é baixa necessitando de avaliações corporais frequentemente. O objetivo desta pesquisa foi avaliar características morfológicas e determinar índices zootécnicos em caprinos da região. Esse trabalho foi realizado em Governador Dix-Sept Rosado/RN no mês de abril de 2015, com 78 fêmeas distribuídas em seis pequenas propriedades rurais. Os animais foram criados de forma extensiva e recebiam forragens nativas da região. Para a obtenção dos dados foram utilizadas fichas de campo, fita métrica e balança do tipo relógio. As medidas realizadas foram peso vivo (PV), altura de cernelha (AC), altura de garupa (AG), comprimento corporal (CC) e perímetro torácico (PT). Foram também calculados os seguintes índices zootécnicos, índice corporal (IC), índice corporal relativo (ICR) e índice de relação perímetro torácico (IRPT). Foi realizada ANOVA e teste de médias Student-Newman-Keuls (SNK) com nível de significância 0,05. De acordo com os dados obtidos ocorreu

diferença estatística ($P < 0,05$) para as medidas PV, AC e PT entre os animais das seis propriedades. Em relação aos índices zootécnicos o IC não diferiu ($P > 0,05$) entre os animais das diferentes propriedades os quais possuem tamanhos médios semelhantes (0,838 a 0,920). Quanto ao ICR, os valores diferiram ($P < 0,05$) indicando que os animais possuem bom desenvolvimento de pernas (1,141 a 1,009) e estaturas diferentes. O IRPT não diferiu entre os rebanhos estudados ($P > 0,05$), sendo superior a 100%. Este índice indica que os animais possuem bom desenvolvimento torácico e consequentemente elevada produção de carne. Apesar dos animais avaliados não possuírem grau de sangue definido o resultado da pesquisa mostrou que são animais com características fenotípicas para serem explorados em diferentes funções econômicas desde que bem manejados. É necessário a realização de pesquisas sobre a produção e produtividade desses animais a nível de pequenos e médios produtores. O uso da barimetria é uma ferramenta que auxilia na avaliação e seleção de animais de qualidade e deve ser adotada nos rebanhos caprinos sem padrão racial definido.

Palavras-chave: caprinos, crescimento, índices zootécnicos, medidas morfométricas

daniel-glaydson@hotmail.com

ID: 504-1 **ACCURACY OF GENOMIC VALUES PREDICTED USING AS RESPONSE VARIABLE
DEREGRESSED PREDICTED BREEDING VALUES**

FERNANDA RAMÍREZ-FLORES, AGUSTÍN RUÍZ-FLORES

¹ UACH - Universidad Autónoma Chapingo

Predicted genetic values must be obtained at an early age with high accuracy so that the desired genetic progress is fast. The objectives of this study were to compare accuracies (R^2) of genomic values (GVs), and to estimate genetic correlation between true genetic values and genomic values obtained using predicted breeding values (EBV) and deregressed EBV (DEBV) as response variables. Data used in the study was simulated. A first population, 800 effective population size and 100 generations, was simulated using the QMSim program to generate linkage disequilibrium. Thereafter, 20 males and 200 females were used to generate a second 14-generation population, with 6,400 individuals each with its corresponding phenotype and genotype in SNPs terms. Generations 7 to 14 of the second population were used in several combinations as training (PEn) and evaluation (PEv) subpopulations. GV, their accuracies, and genetic correlations were obtained using the GenSel and ASREML programs. When PEn was the greatest, mean R^2 of GV was the highest, 0.77 ± 0.01 . The closer PEn and PEv, the higher R^2 , and correspondingly the lower predicted error variance. The trends for R^2 and PEV held true for both EBV and DEBV used as the response variables. Genetic correlation estimates between true genetic values and GV varied from 0.41 to 0.53 in the two scenarios studied. They decreased when PEn and PEv were farther apart from one another. There were only slight advantages of using DEBVs as response variables instead of EBVs. Key words: Genomic evaluation, deregressed predicted genetic value, genomic predicted value, accuracy, genetic correlation

Palabras-chave: Genomic evaluation, deregressed predicted genetic value, genomic predicted value, accuracy, genetic correlation

arf@correo.chapingo.mx

ID: 143-1 **Efeito do Ácido Cítrico sobre a Expressão do Gene GPX7 no Intestino de Codornas de Postura**

THAÍS PACHECO SANTANA, JOSÉ APARECIDO SANTOS DE JESUS, RENNÊ BOMFIM SILVA, GREGÓRIO MURILO DE OLIVEIRA JÚNIOR, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA, ELIANE GASPARINO, ANA PAULA DEL VESCO
¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UEM - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ

Entre os aditivos utilizados na dieta dos animais monogástricos, os acidificantes apresentam ação sobre a população microbiana do trato gastrintestinal. Entre esses acidificantes está o ácido cítrico que pode atuar na redução de bactérias patogênicas do meio, contribuir para a simbiose, e assim, favorecer a digestão e absorção dos nutrientes. Desta forma, este trabalho foi desenvolvido sob a hipótese de que a suplementação de ácido cítrico poderia alterar a composição da flora intestinal, e assim, modificar a necessidade, a expressão e a atividade de agentes antioxidantes. Sendo assim, o trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da suplementação de ácido cítrico na dieta sobre a expressão do gene da Glutathione peroxidase 7 (GPX7) no duodeno de codornas de postura. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos. Sessenta codornas de postura de sete dias de idade foram distribuídas nos três tratamentos (trat 1: 0,00%; trat 2: 0,06%; trat 3: 1,2% de inclusão de ácido cítrico na dieta, n=20). Para a avaliação da expressão gênica, quatro codornas de cada tratamento foram abatidas por deslocamento cervical aos 35 dias de idade. O tecido do duodeno foi coletado e armazenado em RNA holder à -20°C até o momento da extração de RNA. O cDNA foi amplificado usando primers específicos para o gene alvo, e a expressão foi avaliada pela qRT-PCR. Aves alimentadas com dieta sem suplementação de ácido cítrico apresentaram significativamente ($P=0,0001$) a maior expressão do gene GPX7 (0,0182 UA). Não houve diferença na expressão de GPX7 entre os animais dos tratamentos 2 e 3 (0,002 e 0,003 UA, respectivamente). Diante dos resultados obtidos, pode-se concluir que a suplementação de ácido cítrico na dieta pode influenciar a expressão de mRNA GPX7.

Palavras-chave: acidificantes, antioxidantes, glutathione peroxidase, Coturnix japonica

thaisp100@gmail.com

ID: 558-1 **Polimorfismos dos genes da Calpaína associados à características de carcaça e qualidade da carne em ovinos pantaneiros.**

TAUANE CATILZA LOPES FERNANDES, FERNANDO MIRANDA DE VARGAS JUNIOR, ALEXEIA GRISOLIA

BARUFATTI, ELIAS ALBERTO GUTIERREZ CARNELOSSI, BRUNO AMARAL CRISPIM, ALEXANDRE RODRIGO MENDES FERNANDES, LUIS GUSTAVO CASTRO ALVES, ADRIANA SATHIE OZAKI HIRATA

¹ UFC - Universidade Federal do Ceará, ² UFGD - Universidade Federal da Grande Dourados

A caracterização dos genes responsáveis a produção Animal de ovinos pantaneiros ainda se encontra desconhecida. Assim objetivou-se verificar a presença dos polimorfismos genéticos do gene da Calpaína (CAPN) e posteriormente avaliar associações entre as características de carcaça e qualidade da carne dos ovinos pantaneiros (OP) e sem raça definida (SRD). Foram utilizados 47 ovinos pantaneiros e 40 ovinos sem raça propriamente definida. Todos machos e com peso entre 25 a 45 Kg. O DNA destes foi extraído por meio de solventes orgânicos de amostra sanguínea. O marcador CAPN foi submetida a técnica de PCR-SSCP. Os genótipos para CAPN foram: AA, AB, AC, BB. Os genótipos mais frequentes para o CAPN foram AA (51,5%) e AB (17,5%). Dentre os genótipos apresentados todos apresentaram características significativas seja para rendimento da carcaça, da carne e sua qualidade. O genótipo AA mostrou associação significativa no grupo SRD para as seguintes características: RCQ; RCF; LUMILO; FCSM e FCLO. Já para característica CRALO mostrou associação significativa para o grupo OP. O genótipo AB os ovinos SDR apresentaram associação significativa para as características de: RCQ; RCF; LUMILO; CRASM e FCSM. Já as características de: COR; AMARLO e AOL, estas mostraram associação significativa para o grupo OP. O genótipo AC no grupo SDR apresentou associação significativa para as características RCQ e CRALO. Para o grupo genético OP o genótipo AB quando comparado ao genótipo AA e AC mostraram associação significativa para a seguinte característica: VERMLO. A compreensão sobre a associação do gene CAPN com características de rendimento de carcaça, características da carne e qualidade de carne, tornando o uso deste polimorfismo como ferramenta indispensável pra seleção animal e conservação do grupo genético pantaneiro.

Palavras-chave: relações fenotípicas, maciez, conservação, seleção animal

tauanezootecnista@gmail.com

ID: 419-1 **Size at yearling of Nelore females and its genetic associations with scrotal circumference**

PATRÍCIA IANA SCHMIDT, GABRIEL SOARES CAMPOS, FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA, VANERLEI MOZAQUATRO ROSO, ARIONE AUGUSTI BOLIGON

¹ UFPEL - Federal University of Pelotas, ² Gensys - GenSys Associates and Consultants S/S Ltda

*Financiado por: FAPERGS

Measurements related to the size, as yearling height (YH) and yearling weight (YW) of females are important in the economic efficiency of beef cattle production systems. Similarly, scrotal circumference (SC) has been used as an indicator of male and female reproductive performance. Thus, the aims of this research were to estimate heritability for YH, YW and SC and determine the magnitude of genetic correlations between the

female's yearling size traits (YH and YW) and SC. The dataset used is part of a breeding program developed for Nelore cattle and provided by Conexão Delta G. A total of 87,027 YH; 170,042 YW and 136,099 SC were used. Contemporary groups, considered as systematic effects, for YH and YW was formed by farm, year and season of birth and management group at weaning and at yearling. For SC, the effects of farm, year and season of birth and management group at yearling were included in contemporary groups. For all traits, the genetic additive direct and residual effects were included as random. The (co)variances components and genetic parameters were estimated by Bayesian inference, using bivariate analysis and a linear animal model. Analysis consisted of a single chain of 1,000,000 cycles, with a conservative burn-in period of 200,000 cycles and a thinning interval of 20 cycles. Heritability estimates for the studied traits were of moderate magnitude, with means values of 0.33 ± 0.01 (YH), 0.43 ± 0.01 (YW) and 0.37 ± 0.01 (SC), indicating existence of additive genetic variability and possible genetic progress if these traits were used as selection criteria of sires, especially when high selection intensity are applied. Null genetic association (0.00 ± 0.03) was estimated between YH and SC (0.00 ± 0.03), indicating that are different genes involved in expression of these traits. Thus, selection for SC will result in no changes in YH of females. However, simultaneous selection for these traits is possible. On the other hand, YW showed positive genetic correlation with SC (0.32 ± 0.02), suggesting that the sire selection for larger SC may result in an increase of yearling weight of females after a few selection generations, as a correlated response.

Palavras-chave: Bayesian inference, beef cattle, yearling height, yearling weight

pati.iana@hotmail.com

ID: 354-1 **Using phenotypes and genotypes of three-breed cross to improve breeding value estimation of purebred animals**

CLAUDIA SEVILLANO DEL AGUILA, RODRIGO GODINHO, JOHN BASTIAANSEN, JEREMIE VANDENPLAS, ROB BERGSMA, MARIO CALUS

¹ WUR - Wageningen University, Animal Breeding and Genomics Centre, ² TN - Topigs Norsvin Research Center B.V., ³ WUR-LR - Wageningen UR Livestock Research, Animal Breeding and Genomics Centre, ⁴ UFV - Universidade Federal de Viçosa

Breeding programs for pigs and poultry are currently based on genomic prediction (GP) of breeding values that mainly use training populations of purebred animals (PB), while the aim is to improve performance of crossbred animals (CB), which are usually a three-breed cross. The success of such an approach therefore depends on purebred-crossbred genetic correlation (r_{pc}). In our studied pig population, estimates of r_{pc} for daily gain (DG), back fat thickness (BF) and loin depth (LD), were 0.61, 0.75 and 0.82, respectively. The magnitudes of these r_{pc} indicate that genetic progress is being realized in crossbreds kept under commercial conditions by selecting on performance of purebreds at the nucleus level. However, including phenotypes and genotypes of CB in the training population, will lead to higher genetic progress for these traits in CB. When using CB for GP, effects of single nucleotide polymorphisms (SNPs) may be breed-specific because linkage

disequilibrium (LD) patterns between a SNP and a quantitative trait locus (QTL) and allele frequencies and effects of a QTL may differ between parental breeds. Estimation of breed-specific effects of alleles in a CB population, requires knowing their breed-of-origin. We investigated the performance of assigning breed-of-origin of alleles in real data of three-breed cross pigs (finishers). The approach consists of three steps : 1) phase the haplotypes of PB and CB, 2) determine unique haplotypes among the PB, and 3) assign the breed-of-origin for each allele carried on haplotypes of CB. Genotypic and phenotypic data was available for 14,187 PB from the three parental breeds, and 1,723 finishers. On average 93.0% of the alleles of a finisher were assigned a breed-of-origin without using pedigree, and 94.6% using pedigree information. Using these derived breed origin of alleles, we built three partial genomic relationship matrices, one for each breed. These matrices are used to estimate three separate genetic values of a finisher, one from each breed origin. This model will be tested by predicting breed specific breeding values for DG, BF, and LD.

Palavras-chave: crossbred, genomic prediction, genetic correlation, finisher, pigs

claudia.sevillanodelaguila@wur.nl

ID: 708-1 **INDICADORES DE ESTRÉS POR CALOR ASOCIADOS CON POLIMORFISMOS DEL GEN HSP EN BOVINOS JERSEY DE MÉXICO**

JOSÉ GUADALUPE GARCÍA-MUÑIZ, MARICELA RUIZ-ORTEGA, RODOLFO RAMÍREZ-VALVERDE, RAFAEL NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, BALDOMERO ALARCÓN-ZÚÑIGA, CARLOS MIGUEL BECERRIL-PÉREZ, ADALBERTO ROSENDO-PONCE

¹ UACH - Universidad Autónoma Chapingo, ² CP - Colegio de Postgraduados

En algunas poblaciones bovinas se han reportado SNP para proteínas de estrés por calor (HSP), que están asociados con la tolerancia al estrés por calor (EC). El objetivo del presente estudio fue determinar siete SNP para HSP y su asociación con indicadores fisiológicos de EC en bovinos Jersey (JE) de México. Se muestreó ADN de 43 animales en un hato de zona templada (Chapingo) y 52 de un hato de zona tropical (Chiapas). Durante 10 días consecutivos (en época de verano) se registró la frecuencia respiratoria (FR; respiraciones por minuto, rpm) y temperatura rectal (TR; °C). Como medida para identificar EC, se calculó el índice de temperatura ambiental y humedad relativa (ITH, unidades). Los ITH fluctuaron entre 33.7 y 82.4 unidades. Con el ADN de los animales muestreados se identificaron los alelos mediante la técnica RT-PCR. La elección de los siete SNP se realizó con base en las secuencias reportadas en el National Center for Biotechnology Information (NCBI). La información se analizó ajustando modelos de regresión aleatoria (procedimiento MIXED de SAS). En la parte fija del modelo se ajustó el efecto del SNP respectivo y la interacción de los coeficientes de la regresión fija con el SNP; en la parte aleatoria, además del término de residual, se evaluó el ajuste de los polinomios de Legendre de grado cero, uno, dos y tres. Las medias de cuadrados mínimos para el efecto del SNP se compararon utilizando la prueba de Tukey y se generaron las trayectorias de las regresiones aleatorias de cada animal. En general, para las trayectorias de la FR y TR, el modelo final de mejor ajuste consistió en una combinación de un polinomio fijo de quinto grado con un polinomio aleatorio

de segundo grado. Las proporciones de genotipos conocidos detectados fueron variables en los siete SNP utilizados (16 a 67%), lo que sugiere posibilidades para identificar otros alelos y genotipos importantes en los loci considerados. En los siete SNP utilizados se detectaron prácticamente sólo genotipos homocigóticos. En general, los patrones de aumento en FR y TR en los animales a medida que aumenta el ITH fueron confirmados bajo las condiciones estudiadas. En los genotipos contrastados para los SNP3, SNP5, SNP6 y SNP7 no se detectaron diferencias importantes ($p > 0.05$) para los promedios o las trayectorias de los genotipos en FR y TR. Los genotipos estudiados en los SNP1, SNP2 y SNP4 mostraron cierta asociación ($p < 0.05$) con las variables fisiológicas (genotipos identificados con FR entre 5.8 a 11.8 % menos rpm que otros genotipos) bajo algunas de las condiciones ambientales, sugiriendo adaptación de ciertos animales al estrés por calor, por lo que estos SNP son posibles candidatos para futuros estudios.

Palavras-chave: frecuencia respiratoria, temperatura rectal, índice de temperatura y humedad

rodolfov@correo.chapingo.mx

ID: 599-1 Efecto del operario, condición fisiológica de la hembra y el protocolo de sincronización utilizado sobre las tasas de preñez en un programa de inseminación artificial en búfalos de agua (*Bubalus bubalis*)

ANA ELISA MUÑOZ, SANTIAGO ACOSTA DUQUE, MIGUEL CASTRILLON FERNANDEZ, JUAN PABLO LOPERA, JHON DIDIDIER RUIZ, WALTER DARIO CARDONA MAYA, JESUS ALFREDDO BERDUGO

¹ BIOGEM - Universidad Nacional de Colombia- Sede Medellin, ² CLAIBU - Centro Latinoamericano para el estudio del bufalo, ³ INCACES - Grupo de INvestigación en Ciencia Animal, ⁴ Reproduccion-UdeA - Grupo Reproduccion- U de A

Introducción: Con el incremento en la producción bufalina en Colombia es necesario establecer programas de mejoramiento, una opción es el uso de la inseminación artificial (IA). En la literatura científica es escasa la información sobre los aspectos de un programa de IA. El objetivo del presente trabajo fué evaluar el efecto del operario, el estado fisiológico de la hembra y el protocolo de sincronización utilizado en un programa de IA durante la estación reproductiva 2014-2015 en dos hatos de búfalos. **Materiales y Métodos:** Los hatos estaban localizados en Veracruz-México y en Pueblo Nuevo-Córdoba-Colombia, en México se utilizaron 77 bufalas: 55 buvillas que se les aplicó el protocolo ovysinch y 22 búfalas pluriparas que se les aplicó protocolo CIDR-Synch. Fueron inseminados con semen de un reproductor Murrah con fertilidad probada. Participaron 6 inseminadores, uno experimentado y 5 en formación, se verificó la correcta disposición del semen. En Colombia, 101 búfalas múltiparas sincronizadas con el protocolo ovsynch y fueron inseminadas con diferentes reproductores por 4 inseminadores experimentados. La gestación fue diagnosticada a los 28 días por ecografía y confirmada por palpación rectal a los 45. Se realizaron los cálculos de estadística descriptiva, para la determinación de diferencias estadísticas se utilizó una prueba de comparación de proporciones y la prueba de Mann-Whitney para comparar los grupos. **Resultados:** La tasa de preñez general fue de 29,40 % y 36,64% para Mexico y Colombia respectivamente, la tasa de preñez de las buvillas y de las búfalas paridas

fue 25,92% y 36,36% respectivamente, cuando se comparan los resultados con las búfalas multíparas colombianas en ninguna de comparaciones realizadas se encontraron diferencias. En México el inseminador experimentado obtuvo una tasa de preñez de 20,51% y los principiantes un 36,8%. En Colombia los inseminadores tuvieron una tasa de preñez general de 41,8% (34%-53%), sin diferencias significativas. Cuando se comparan el inseminador experimentado de México con los experimentados colombianos no se encontraron diferencias significativas en las tasas de preñez. Las tasas de preñez del protocolo ovsynch 29,16% y del protocolo CIDR-synch fueron 36,3%. Conclusiones: A nuestro parecer las tasas de preñez con búfalos aún se mantienen bajas alrededor del 30% en los protocolos con sincronización, se observa una paradoja en los resultados debido a que es frecuente observar que los parámetros evaluados tienen efecto sobre las tasas de preñez. Resultados similares en tasas de preñez han sido en otras haciendas en Colombia y es el primer reporte en la especie para México. Se muestra como es necesario ajustar los procedimientos y protocolos para mejorar los resultados en la IA.

Palavras-chave: bubalus bubalis, IATF, Inseminacion, Paridad

ana-munozj@hotmail.com

ID: 599-2 **Inseminación artificial con celo natural en búfalos de agua**

JUAN PABLO LOPERA, ANA ELISA MUÑOZ, SANTIAGO ACOSTA DUQUE, MIGUEL CASTRILLON FERNANDEZ, JHON DIDIDIER RUIZ, WALTER DARIO CARDONA MAYA, JESUS ALFREDDO BERDUGO

¹ BIOGEM - Universidad Nacional de Colombia- Sede Medellin, ² CLAIBU - Centro Latinoamericano para el estudio del bufalo, ³ INCACES - Universidad CES, ⁴ Reproduccion-UdeA - Grupo Reproduccion- U de A

Introducción: En la producción bufalina Colombiana, lentamente se va integrando la inseminación artificial (IA), la mayoría de los programas se basan en protocolos de sincronización de ovulación que tienen una eficiencia relativamente baja y que incrementan los costos del proceso. Estos se han usado debido a que no muestran síntomas de celo tan evidentes como los vacunos. Con el objetivo de proponer un manejo más económicos y eficiente en los sistemas de producción bufalina, se evaluó un programa de IA basado en la observación directa del celo natural de los animales. **Materiales y Métodos** El presente estudio prospectivo se realizó en una explotación del departamento de Córdoba (Norte de Colombia), durante la estación reproductiva del 2015. Se incluyeron 81 búfalas aptas reproductivamente y pluriparas, con 61 días abiertos en promedio, las cuales fueron divididas en dos grupos al azar: 41 fueron sincronizadas con el protocolo Ovsynch y 40 fueron inseminadas en celo natural. La detección del celo se realizó mediante observación de los animales dos veces al día y la ayuda de un calentador epididimectomizado, fueron inseminadas 6 horas después de terminar los síntomas de celo con semen importado de 7 búfalos de la raza Murrah. El diagnóstico de preñez se realizó mediante ecografía y palpación rectal los días 45 y 60 después de la IA, respectivamente. para la determinación de diferencias estadísticas se utilizó una prueba de comparación de proporciones y la prueba de Mann-Whitney. **Resultados:** Se describe a continuación las características de cada uno de los grupos evaluados para celo natural la edad, paridad, días abiertos y promedio de intervalo

entre partos: media $\pm$ desviación estándar -DE- $10,43 \pm 4,17$ años, $7,16 \pm 3,4$ partos, $62,88 \pm 32,71$ días, 428 ± 58 días, para el grupo de sincronización los parámetros fueron: $9,10 \pm 3,8$ años, $4,6 \pm 2,38$ partos, $60,41 \pm 20,77$ días, $440,5 \pm 72$ días. No se encontraron diferencias significativas en la edad, los días abiertos y el intervalo entre los dos grupos. El parámetro paridad si presentó diferencias significativas ($p=0,006$). Se evaluó adicionalmente la fertilidad de los reproductores utilizados sin encontrar diferencias significativas entre ellos. La tasa de preñez para el grupo de celo natural fue de 52,5% respecto a 36,58 para las búfalas que fueron sincronizadas. Conclusiones: Los resultados obtenidos en este trabajo muestran como se puede obtener una importante diferencia en las tasas de preñez cuando se usa celo natural, confirmando observaciones de otros autores sobre el efecto deletéreo que puede tener sobre las tasas de preñez el proceso de la sincronización. Finalmente, se muestra como es factible el establecimiento de programas de IA con celo natural en esta especie.

Palavras-chave: Bubalus, Celo, Inseminacion, Natural

jaberduog@unal.edu.co

ID: 302-3 **EXPRESSÃO DO GENE CATALASE NO INTESTINO DE FRANGOS DE CORTE SUPLEMENTADOS COM NÍVEIS DE ÓLEO DE ALGODÃO, AOS 21 DIAS DE IDADE**

ANDRÉ CAMPÊLO ARAUJO, KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA, RENAN DOS SANTOS ARAÚJO, ADRIANA COSTA OLIVEIRA, FABIANA CRISTINA BELCHIOR DE SOUSA, LEILANE ROCHA BARROS DOURADO, WALMIR SILVA, GERALDO FÁBIO VIANA BAYÃO

¹ UFPI - Universidade Federal do Piauí, ² UEM - Universidade Estadual de Maringá, ³ UFV - Universidade Federal de Viçosa, ⁴ UFMA - Universidade Federal do Maranhão

Entre os alimentos alternativos com potencial para utilização na alimentação animal está o óleo de algodão, que possui o gossipol, um fator antinutricional que interfere no aproveitamento de elementos minerais. Entretanto, o caráter tóxico do gossipol pode ser prevenido pelo acréscimo de sais de ferro à dieta, como o sulfato ferroso, diminuindo o potencial de prejudicar as funções das defesas antioxidantes da célula, que poderia levar a um estresse oxidativo. As enzimas antioxidantes, como a catalase (CAT), são proteínas presentes em concentrações mais baixas no citosol e podem retardar ou evitar a oxidação de proteínas, lípidos, carboidratos e DNA. Logo, objetivou-se comparar a expressão do gene *Catalase* (CAT) no intestino de frangos de corte aos 21 dias de idade, alimentados com dietas contendo diferentes níveis de óleo de algodão com ou sem sulfato ferroso. O experimento foi conduzido no Setor de Avicultura do Colégio Técnico de Bom Jesus, da Universidade Federal do Piauí, Campus Profª Cinobelina Elvas (Bom Jesus-PI). Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 4x2 (quatro níveis de óleo de algodão - 0, 2, 4 e 6% - com ou sem suplementação de sulfato ferroso) e seis repetições de cinco aves. As amostras foram coletadas de quatro animais aos 21 dias de idade de cada tratamento e armazenadas em micro tubos contendo RNA Holder® (BioAgency Biotecnologia, Brasil) para posterior extração de RNA total e síntese de cDNA. A expressão relativa do gene CAT foi feita por RT-qPCR usando o sistema de fluorescência SYBR Green

e o gene β -actina foi utilizado como controle endógeno. As análises foram feitas pelo *proc* MIXED do software SAS (versão 9.0) e as médias dos contrastes foram comparadas pelo teste t de Student e a expressão relativa foi apresentada em $2^{-\Delta Ct}$. Não houve diferença significativa ($p > 0,05$) na expressão gênica da *Catalase* no intestino de frangos de corte suplementados com diferentes níveis de inclusão de óleo de algodão com ou sem sulfato ferroso. Portanto, é possível a inclusão de até 6% de óleo de algodão com ou sem sulfato ferroso na ração de frangos de corte, pois não causará alterações significativas na expressão do gene CAT. Contudo, é indispensável maiores estudos sobre a inclusão de óleo de algodão na expressão de genes antioxidantes para melhor entendimento dos mecanismos moleculares em função da dieta animal.

Palavras-chave: alimento alternativo, aves, gene antioxidante, ROS

andrefuturo7@hotmail.com

ID: 512-1 **Efeito da Salinidade e Suplementação de Ácido Ascórbico Sobre a Expressão dos Genes HSP 70 e GSS no Fígado de Tilápias**

MARISA SILVA BASTOS, CAIO ALEXANDRE SANTOS CAXICO VIEIRA, JODNES SOBREIRA VIEIRA, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA, ELIANE GASPARINO, ANA PAULA DEL VESCO

¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UEM - Universidade Estadual de Maringá

A tilápia é uma espécie de peixe caracterizada por tolerar variações osmóticas relativas à salinidade da água, essa característica a torna adequada à produção em águas salinas e policultivos. Desequilíbrios fisiológicos, como os provocados pela salinidade, podem induzir o estresse oxidativo causando danos como a peroxidação lipídica e lesões no DNA mitocondrial. O ácido ascórbico é uma molécula com função antioxidante, auxilia os sistemas de defesa antioxidante do organismo. A eficiência dos mecanismos antioxidantes pode ser medida através da expressão de genes como das Heat Shock Proteins (*HSP*) e da Glutathione Sintetase (*GSS*). Assim sendo, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da salinidade e da suplementação do ácido ascórbico sobre a expressão dos genes da *HSP 70* e *GSS* no fígado de tilápias. Para isto, 160 juvenis de tilápia (*Oreochromis niloticus*), com peso inicial de 20g, foram distribuídos em quatro tratamentos: trat 1= 0%; trat 2= 7%; e trat 3= 21% de salinidade, e trat 4= 21% de salinidade + dieta com suplementação de ácido ascórbico). Para a avaliação da expressão gênica, quatro peixes de cada tratamento foram insensibilizados com choque térmico e eviscerados após 24 horas de experimentação. O tecido do fígado foi coletado e armazenado em RNA holder à -20°C. O cDNA foi amplificado usando primers específicos para o gene alvo, e a expressão foi avaliada pela qRT-PCR. Os peixes mantidos em 21% de salinidade sem suplementação de ácido ascórbico apresentaram significativamente ($P < 0,0001$) maior expressão do gene *HSP 70*. Não houve diferença na expressão de *HSP 70* entre os animais mantidos em 7% e animais mantidos em 21% de salinidade e alimentados com dieta suplementada em ácido ascórbico. Com relação ao gene *GSS*, maior expressão foi observada em tilápias que foram mantidas em água com 7% de salinidade. Diante dos resultados obtidos, pode-se concluir que o nível de salinidade da água e a suplementação de ácido ascórbico na dieta de peixes podem influenciar a expressão de genes relacionados à capacidade antioxidante

de tilápias.

Palavras-chave: antioxidante, estresse oxidativo, heat shock, *Oreochromis niloticus*

mbastoszootecnista@gmail.com

ID: 732-1 Herdabilidade da Condição Corporal em vacas de corte: um critério a considerar na melhora da reprodução

ANA CAROLINA ESPASANDIN, MANUELA MARTÍNEZ-VIGIL, MARÍA CERSÓSIMO, FERNANDO PEREYRA

¹ Udelar-Fagro - Universidad de la República - Facultad de Agronomía, Uruguay, ² EEMAC - Estação Experimental "Dr. Mario A. Cassinoni", ³ EEER - Estação Experimental Bernardo Rosengurt

*Financiado por: Udelar-Fagro, Uruguai

A condição corporal das fêmeas de corte, no momento da parição, é um indicador da eficiência reprodutiva dos rebanhos. Sua determinação é realizada mediante apreciação visual, utilizando escalas validadas em cada país. O objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade da condição corporal no momento do parto, em vacas de corte das raças Angus, Hereford e cruzadas F1 em condições de pastejo de campo nativo (Bioma pampa). Os registros da Condição corporal foram tomados no momento do parto usando a escala australiana de 1 a 8, validada para gado de corte. A base de dados continha 3378 registros provenientes de 12 anos de experimentação na Estação Experimental Bernardo Rosengurt da Faculdade de Agronomia (Udelar) no departamento de Cerro Largo, Uruguai. Em média, as vacas pariram com condições corporais de 3.7 ± 0.8 . As estimativas das variâncias aditiva e residual foram obtidas usando o software MTDFREML (Van Vleck, 1998) mediante o modelo de análise univariada contendo os efeitos fixos de: ano de parto (1994-2015), categoria da vaca (primípara, segundo parto e múltipara), raça do touro (Angus ou Hereford), raça da vaca (Angus, Hereford ou F1) e sexo do bezerro (Fêmea ou Macho). As variâncias aditivas, residuais e fenotípicas resultaram em 0.02687, 0.20719 e 0.23406, respectivamente. A herdabilidade e a anti-herdabilidade foram de 0.12 ± 0.041 e 0.88 ± 0.040 , respectivamente. Apesar de ser um valor de baixa magnitude, a herdabilidade de esta variável é suficiente para assegurar ganhos genéticos de importância econômica nos sistemas de produção. Estas observações, se bem preliminares, e no contexto desta base de dados, permitem sugerir que a condição corporal poderia ser considerada no futuro como uma variável a ser incluída nos programas de melhora genética em gado de corte como indicadora de eficiência reprodutiva.

Palavras-chave: condição corporal, vacas, corte

acespasa@fagro.edu.uy

ID: 726-1 EVALUACIÓN REPRODUCTIVA Y NÚMERO DE PROGENIES POR TORO BRAHMAN EN

SISTEMAS EXTENSIVOS DE SABANA INUNDABLE

ARIOSTO ARDILA SILVA, LILIANA CHACÓN JARAMILLO

¹ UNISALLE - Universidad de La Salle

Introducción: En ecosistemas de sabana inundable en ganadería de cría extensiva y monta multitoro, se requiere, además de la evaluación reproductiva, saber las paternidades. Por eso, el objetivo fue relacionar la evaluación reproductiva y el número de progenies por toro Brahman como contribución al mejoramiento de la productividad. **Materiales y métodos:** Se evaluaron 32 toros divididos en dos grupos de 16, para un total de cuatro evaluaciones, alternando monta y descanso cada tres meses. En cada toro se realizó un examen físico general y del tracto reproductivo; circunferencia escrotal; evaluación de testículos por ultrasonido; colecta de semen por medio de electro-eyaculación; motilidad espermática, individual y progresiva; morfología y concentración espermática; color del semen. Durante dos épocas del año (invierno y verano) antes de entrar a monta se evaluaron la libido y capacidad de servicio en potrero. Para las pruebas de paternidad se utilizaron 18 microsatélites (STR's) recomendados por la ISAG y el software BIOSOFTGEN. **Resultados:** En cuanto al examen físico, los toros fueron sanos, y tuvieron una condición corporal de 3 a 4 (en escala de 1 a 5), y fueron revisados con especial atención en su sistema músculo esquelético y ocular (Barth, 1997). Los toros presentaron una circunferencia escrotal (CE) entre 38 y 42 cm, siendo una característica individual importante para mejorar la eficiencia reproductiva en los sementales seleccionados (Bourdon y Brinks, 1952; 1986) que contribuye con el 40% del total de los puntos en el BSE. La concentración, motilidad progresiva y porcentaje de espermatozoides normales aumentaron con la edad en los toros más jóvenes, y posteriormente disminuyó en los toros mayores, el CAP promedio por toro varió entre 27 y 100. En general la calidad espermática, como la máxima producción se presentó en los toros hasta los 5 años y luego fue disminuyendo. El promedio en las pruebas de libido por toro varió entre 0 y 10. Las paternidades por toro fluctuaron entre 0 y 20. **Conclusiones:** la correlación de la calidad seminal, libido, capacidad de servicio, dominancia social y la identificación de paternidades, ofrece una información más completa para el mejoramiento de la productividad del hato ganadero.

Palavras-chave: Comportamiento reproductivo, Prueba de paternidad, Selección

trotsky05@yahoo.es

ID: 743-1 Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e escores visuais medidos ao sobreano de bovinos da raça Braford

LARISSA DE SANT'ANA ALVES, PEDRO LEONARDO FERNANDES DOS SANTOS, JANLESI DA SILVA BORGES, LARA NUNES SOUSA, MAIARA DA SILVA LIMA, ROBERTO CARVALHEIRO, LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE, RAPHAEL BERMAL COSTA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia, ² Unesp - Universidade Estadual Paulista

O objetivo desse estudo foi estimar a herdabilidade e as correlações genéticas entre perímetro escrotal

ajustado a idade e ao peso (PEip); idade ao primeiro parto (IPP) e escores visuais ao sobreano de conformação (CS); precocidade (PS) e musculatura (MS), visando a possibilidade de inclusão dessas características como critérios de seleção em um programa de melhoramento genético de bovinos da raça Braford. Para isso foi utilizado um conjunto de dados contendo 120.297 registros com todas as composições raciais para cruzados Nelore x Hereford, cedidos pelo programa de melhoramento genético da Conexão Delta Gen, criados em sistema extensivo de produção à pasto, nascidos entre 1992 e 2012, em 40 fazendas localizadas nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Os animais foram agrupados em quatro estações de nascimento. Para cada característica em estudo criou-se grupos de contemporâneos, o qual na formação desse respectivo grupo para Peip, foram concatenados os registros dos animais pertencentes a mesma fazenda, nascidos na mesma estação e ano e do mesmo grupo de manejo Peip. Os grupos de contemporâneos para IPP foram semelhantes ao grupo de contemporâneos Peip, exceto pelo grupo de manejo, que foi considerado da desmama ao sobreano. Para os grupos contemporâneos de conformação, precocidade e musculatura foram utilizados grupos de manejo específicos para cada uma das medidas efetuadas, bem como, o sexo do animal. Na estimativa dos componentes de variância e (co)variância utilizou-se inferência Bayesiana com o auxílio do programa GibbsF90 e uma matriz de parentesco contendo 153.800 animais, aplicando-se um modelo animal multicaracterística. A convergência da cadeia de Gibbs foi verificada usando os programas: POSTGIBBSF90 e o programa R utilizando o critério de Geweke. Os coeficientes de herdabilidade estimados para PEip; IPP; CS; PS e MS foram 0,26; 0,17; 0,09; 0,18 e 0,16, respectivamente. As seguintes correlações genéticas foram estimadas PEip x IPP (-0,24); PEip x CS (-0,25); PEip x PS (0,083); PEip x MS (-0,05); IPP x CS (0,014); IPP x PS (-0,08); IPP x MS (0,036). As correlações genéticas entre os escores visuais foram de alta magnitude e próximas a unidade, mostrando que essas características são controladas pelos mesmos genes. A seleção para Peip acarretará em redução na IPP e diminuição no CS; a utilização de escores visuais como critérios de seleção não levará a mudanças na IPP.

Palavras-chave: características reprodutivas, escores visuais, herdabilidade, correlação genética

larissa.alvesvet@gmail.com

ID: 119-1 **PPARG gene is a potential regulator of lipogenic genes related to iron content in Nelore muscle**

WELLISON JARLES DA SILVA DINIZ, POLYANA CRISTINE TIZIOTO, LUIZ LEHMANN COUTINHO, ALINE SILVA MELLO CESAR, JULIANA AFONSO, CAIO FERNANDO GROMBONI, ANA RITA DE ARAÚJO NOGUEIRA, LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO

¹ UFSCar - Universidade Federal de São Carlos, ² CPPSE - Embrapa - Centro de Pesquisa e Pecuária Sudeste, ³ ESALQ/USP - University of São Paulo/ESALQ, ⁴ IFBA - Bahia Federal Institute of Education, Science and Technology,

Minerals are essential in muscle metabolism and influence biological pathways related to meat quality, such as flavor and juiciness. A previous genome-wide association (GWAS) study highlighted quantitative trait loci

(QTL) mapped on Nelore chromosomes 7 and 12, that influences Fe content of *Longissimus thoracis* (LT) muscle. Many QTL described in this study are likely to be caused by variation in regulatory elements. For this reason, this study aimed to identify differentially expressed genes (DEG) for Fe content, detected from RNA sequencing (RNA-seq) data that interact with genes located in QTL regions described in a previous GWAS study. For this, we carried out a functional annotation analysis, using Ingenuity Pathway Analysis (IPA), from the genes identified by both approaches, to determine gene networks and physiological functions. While the GWAS analysis revealed 102 genes, the RNA-seq identified 49 annotated DEG (*FDRPPARG* gene was proposed as a regulator of *C3*, *CYP4B1*, *FABP4*, *FASN*, and *PLIN5*, which were indicated as involved with lipid metabolism. Furthermore, *THRSP* gene acts regulating genes such as *FASN* and *FABP4*, which are involved in the *de novo* synthesis of fatty acids, and are candidates for beef quality. Biological pathways such as cell growth and development, hematologic system development and function were common in these studies. The genetic architecture underlying complex traits is polygenic, and several factors, such as genetic variation in coding and regulatory regions are involved. These could result in structural and functional differences in the proteins, as well as variation in promoters and transcriptional regulatory elements, that are expected to model gene expression patterns. Thus, studies aiming to identify mutations in regulatory elements that affect gene expression may contribute to a better understanding of the biological mechanisms underlying complex traits in bovine. **Financial support:** Fapesp thematic project 2012/23638-8

Palavras-chave: beef quality, data integration, fatty acids, GWAS, RNA-seq

wjarles09@gmail.com

ID: 563-3 **Utilização de técnicas estatísticas multivariadas para definição de ambiente de produção para o estudo da interação genótipo-ambiente na Bahia em bovinos Nelore**

CAIO VICTOR DAMASCENO CARVALHO, GLEB STRAUSS BORGES JUNQUEIRA, THEREZA CRISTINA BORIO CALMON DE BITTENCOURT, RAYSILDO BARBOSA LÔBO, RAPHAEL BERMAL COSTA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia, ² ANCP - Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores

Com vasta extensão territorial, o estado da Bahia apresenta uma rica diversidade ambiental, porém acompanhada por marcantes diferenças de clima entre as suas regiões. Esta diversidade climática faz com que o estado apresente aptidões diversas no tocante a produção agropecuária. No entanto, para a produção animal algumas dessas regiões tornam a atividade um tanto quanto limitada, isso porque a maior parte do território baiano localiza-se na área do polígono das secas, cujo clima predominante é o semiárido, tendo como característica marcante baixa precipitação anual e elevadas temperaturas médias anuais. Desta forma, o presente estudo teve como objetivo avaliar as diferentes regiões do estado da Bahia quanto a adequabilidade a exploração da criação de bovinos Nelore através de uma avaliação geoclimática utilizando análises estatísticas multivariadas. Para a análise foram utilizadas informações de 28 estações climatológicas oficiais do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET) localizadas em diferentes municípios do estado da Bahia, distribuídos entre todas as mesorregiões do estado, sendo utilizadas as seguintes variáveis: altitude,

precipitação anual, temperatura média anual, umidade relativa do ar e classificação climática de Koppen, sendo os dados utilizados referentes aos de 1993 a 2015. Foi realizada a análise de componentes principais (PC) para verificar quais das variáveis de estudo mais contribuem para a dissimilaridade dos municípios e para verificar a formação de regiões homogêneas entre os mesmos, foi utilizada a análise de agrupamento, pelo método UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean), utilizando-se a distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade entre os municípios, em que a formação de grupos homogêneos é utilizado na análise de 10.000 bootstraps. Na análise de PC os dois primeiros componentes explicaram mais de 82% da variabilidade entre os municípios, sendo o PC1(45,11%) mais influenciado pela altitude e classificação de Koppen. Já o PC2 (37,02%) foi mais influenciado pela umidade relativa do ar e precipitação. Na análise de agrupamento, foram formados três grupos diferentes, uma vez que valores de bootstrap acima de 50% indicam maior confiança na formação dos nódulos do dendrograma, ou seja, há uma maior similaridade das variáveis dentro dos grupos formados. Assim, verifica-se que existe uma homogeneidade dentro destas regiões geoclimáticas do estado da Bahia, indicando que pode existir interação genótipo-ambiente entre as diferentes regiões identificadas neste estudo.

Palavras-chave: avaliação geoclimática, componentes principais, diversidade climática

straussborges@gmail.com

ID: 563-2 Avaliação da interação genótipo-ambiente para características reprodutivas em bovinos da raça Nelore criados no Brasil

CAIO VICTOR DAMASCENO CARVALHO, GLEB STRAUSS BORGES JUNQUEIRA, THEREZA CRISTINA BORIO CALMON DE BITTENCOURT, RAYSILDO BARBOSA LÔBO, RAPHAEL BERMAL COSTA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia, ² ANCP - Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores

Com a difusão das biotécnicas reprodutivas, a aquisição e utilização de material genético superior para os rebanhos ficaram mais democráticos. Desta forma, produtores que antes não utilizavam material genético selecionado, passaram a adquirir o sêmen de animais avaliados geneticamente e de alto valor financeiro. Com esta evolução das biotécnicas e difusão de material, surgiu uma maior preocupação com as possíveis interações genótipo-ambiente (IGA). Isso porque uma vez que animais selecionados em uma determinada região do país teriam suas progênies criadas em regiões diferentes daquelas de onde foram selecionados, com climas e manejos totalmente contrastantes. Assim, o presente trabalho teve como objetivo estudar a IGA em características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore criados nas regiões Centro-Oeste, Norte e Sudeste do Brasil. Foram utilizadas informações de 14476 machos para a característica perímetro escrotal ao sobreano padronizado aos 550 dias (PE550) com média de $26,48 \pm 3,45$ cm e 15397 fêmeas para idade ao primeiro parto (IPP) com média igual a $1107,25 \pm 159,36$ dias. A verificação da presença da interação genótipo-ambiente foi realizada avaliando-se a correlação genética da característica (rg), considerando-a como uma característica diferente em cada ambiente de criação. Desta forma, foram criadas variáveis P550 e IPP em cada uma das três regiões estudadas. Os parâmetros genéticos foram estimados por inferência

Bayesiana, aplicando-se um modelo animal multi-característica. Para tanto, foi utilizado o software GIBBS2F90. Considerou-se a presença de IGA quando a $rg < 0,80$. Para a característica PE550 não foi encontrada interação entre nenhuma das regiões ($rg > 0,80$). No entanto, quando analisada a característica IPP, verificou-se a presença da IGA entre as regiões Centro-Oeste e Norte ($rg=0,21$) e entre Sudeste e Norte ($rg=0,52$), indicando que os reprodutores com os melhores desempenhos de suas progênes em uma das regiões podem não repetir o mesmo desempenho quando criados em uma região diferente daquela onde foi realizada a seleção dos reprodutores.

Palavras-chave: precocidade sexual, parâmetros genéticos, zebuínos

straussborges@gmail.com

ID: 249-1 **Tendências fenotípica e genética de características leiteiras de vacas zebuínas**

THALITA POLYANA MONTEIRO ARAÚJO, ADRIANO HENRIQUE DO NASCIMENTO RANGEL, RAYANE NUNES GOMES, EMMANUELLA DE OLIVEIRA MOURA, KIVYA DIAS DE ANDRADE, STELA ANTAS URBANO, GUILHERME FERREIRA DA COSTA LIMA, MARIA GABRIELA CAMPOLINA DINIZ PEIXOTO

¹ UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco, ² UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, ³ EMBRAPA - Gado de leite - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, ⁴ EMPARN - Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte

O cruzamento das raças zebuínas com raças de origem europeia especializadas para a produção de leite vem sendo bastante utilizado, devido aos sérios problemas de adaptação dos animais puros de raças especializadas às condições tropicais. Neste contexto, a adequação binominal genótipo e ambiente torna-se essencial na sobrevivência do sistema de produção, na qual à medida que a eficiência produtiva torna-se fundamentalmente importante para o sistema de produção, faz-se necessário avaliar se o progresso foi alcançado ao logo do processo de seleção. Diante disto, objetivou-se verificar o desempenho histórico da produção e composição do leite, constatando as tendências fenotípicas e genéticas dos rebanhos Gir e Guzerá pertencentes à Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte (EMPARN). Foram utilizados os fenótipos e as estimativas de diferenças esperadas na progênie (DEP) para as características produtivas de leite das raças Gir e Guzerá, dos rebanhos pertencentes à EMPARN. Os dados de produção de leite e constituintes usados nas avaliações genéticas foram obtidos a partir de controles leiteiros mensais e as DEP para produção de leite, gordura e proteína, todas em quilogramas (Kg), foram estimadas anualmente. As análises estatísticas foram realizadas utilizando os procedimentos disponíveis no pacote computacional SAS® (Statistical Analysis System). Observou-se tendência fenotípica e genética positiva para a produção de leite das duas raças, porém quando se verificou os constituintes, o Gir apresentou tendência (fenotípica e genética) positiva para gordura e proteína e o Guzerá apresentou tendência genética baixa, porém positiva, já a tendência fenotípica foi negativa para os constituintes avaliados (gordura e proteína). A avaliação do Programa Nacional de Melhoramento Genético referente à EMPARN mostra que a raça Gir apresentou tendências positivas para os parâmetros avaliados (produção de leite, produção de gordura e

proteína) e a raça Guzerá mostrou tendência negativa quando os constituintes foram avaliados, assim mostrando a evolução satisfatória dos rebanhos avaliados em quase todas as características produtivas.

Palavras-chave: composição, evolução genética, produção, zebu

thalitapolyana@hotmail.com

ID: 527-3 Identidade de Modelos de Curva de Crescimento de Linhagens de Codornas de Corte Submetidas a Diferentes Dietas

JOSÉ APARECIDO SANTOS DE JESUS, MARTA JEIDJANE BORGES RIBEIRO, FABYANO FONSECA E SILVA, ISIS REGINA SANTOS DE OLIVEIRA, CARLOS SOUZA DO NASCIMENTO, ANA PAULA DEL VESCO, LEANDRO TEIXEIRA BARBOSA

¹ UFS - Universidade Federal de Sergipe, ² UFV - Universidade Federal de Viçosa

Em produção animal, é comum a utilização de modelos não lineares para descrever as curvas de crescimento dos animais. Entretanto, os parâmetros que as descrevem podem ser influenciados por fatores ambientais. Visto isso, torna-se necessário o entendimento da influência desses fatores sobre os parâmetros, sendo a técnica de identidade de modelos a mais indicada para essa finalidade. Assim, o objetivo do presente trabalho, foi avaliar a influência de diferentes linhagens e tratamentos sobre os parâmetros estimados, os quais descreveram a curva de crescimento de codorna de corte. Foram utilizadas codornas europeias de corte provenientes de três linhagens de ambos os sexos durante seis períodos experimentais (1-7, 8-14, 15-21, 22-28, 29-35, 36-42). O delineamento foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2x4 (dois níveis de energia metabolizável 2900 e 3100 Kcal e quatro níveis de proteína bruta 22%, 24%, 26% e 28%) cujos tratamentos são obtidos pela combinação dos fatores. Após análise prévia foi escolhido o modelo Logístico, que melhor se ajustou ao crescimento das codornas, e aplicou-se a técnica de identidade de modelos com o intuito de verificar diferenças na estimação dos parâmetros das linhagens analisadas em cada tratamento. O modelo Logístico foi ajustado aos dados de peso-idade para cada linhagem em cada tratamento pelo método Gauss-Newton, por meio do PROC MODEL (SAS INSTITUTE, 2002) com o auxílio da variável *Dummy*. Os resultados do teste realizado mostrou que em cada tratamento analisado as linhagens apresentaram diferença apenas para o parâmetro peso adulto, com exceção do tratamento 5. Em seguida realizou-se o teste para comparar o peso adulto das linhagens dentro de cada tratamento. O peso adulto é igual na Linhagem 2, quando comparado com a linhagem 3 nos tratamentos 1, 2, 3 e 6, respectivamente, (251,59 e 247,13 ; 260,79 e 255,97; 258,21 e 251,70; 270,90 e 251,78 g). Esse mesmo parâmetro diferiu entre as linhagens 1 e 3 nos tratamentos 4 e 7, respectivamente, (293,71 e 243,34; 289,26 e 255,72 g). No tratamento 8, observa-se que as linhagens 1 e 3 são diferentes quanto ao peso adulto (288,64 e 254,14 g). Os resultados do presente trabalho sugere a necessidade do ajuste de mais de uma curva para descrever o crescimento das diferentes linhagens estudadas.

Palavras-chave: igualdade de parâmetros, modelo Logístico, razão de verossimilhança

aparesidosj@hotmail.com

ID: 563-1 Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas entre escores visuais medidos à desmama e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos da raça Braford

GLEB STRAUSS BORGES JUNQUEIRA, DENISE ROCHA AYRES, ROBERTO CARVALHEIRO, LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE, RAPHAEL BERMAL COSTA

¹ UFBA - Universidade Federal da Bahia, ² UFMT - Universidade Federal do Mato Grosso, ³ UNESP - Universidade Estadual Paulista

O objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade e correlações entre escores visuais de conformação (C), precocidade (P) e musculatura (M) e características de carcaça, área de olho de lombo (AOL) e a espessura de gordura subcutânea (EGS) medidas por ultrassonografia em bovinos Braford criados à pasto. Os dados foram obtidos pelo programa de melhoramento genético da Conexão DeltaGen, em fazendas localizadas nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Os parâmetros genéticos foram estimados por inferência Bayesiana utilizando um modelo animal de múltiplas características utilizando o programa gibbs2f90. Foram utilizadas 65864, 65895, 65873, 3863 e 3863 observações de C, P, M, AOL e EGS respectivamente. O modelo incluiu os efeitos fixos do grupo contemporâneo, efeitos linear e quadrático das covariáveis peso ao desmame e da idade do animal para todas as características e da idade da vaca ao parto para C, P e M. Os efeitos aleatórios foram, genético aditivo direto, genético materno (para C, P e M), residual. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para C, P, M, AOL e EGS foram 0,15, 0,16, 0,17, 0,09 e 0,15 respectivamente. Para as características C, P e M, os coeficientes de herdabilidade materna foram de 0,07, 0,06 e 0,05, respectivamente. As estimativas de correlações genéticas para C x P, C x M e P x M foram 0,76, 0,83 e 0,91; as estimativas de correlação genética entre C, P, M e AOL e EGS foram 0,04, -0,11, -0,01 e 0,02, 0,31, 0,13 respectivamente. A estimativa de correlação genética entre AOL e EGS foi 0,16. As correlações genéticas estimadas entre C, P e M foram altas, a seleção para um dos escores conduziria em mudanças no mesmo sentido nos demais. O valor mais expressivo foi entre P e M (0,91) e a estimativa de AOL e EGS (0,16), sugere que a seleção de animais com massa muscular mais desenvolvida não resulta em animais com menos gordura. As correlações estimadas entre C, P, M e AOL e EGS foram médias e baixas aproximando de zero, os valores mais expressivos foram entre P e AOL (-0,11) e P e EGS (0,31), demonstrando que a seleção para EGS pode aumentar a precocidade dos animais à desmama, mas o inverso acontece para AOL. A seleção para os escores visuais deve trazer mudanças nas características de carcaça no sentido desejável, principalmente para EGS.

Palavras-chave: características de carcaça, ultrassom, parâmetros genéticos

straussborges@gmail.com

ID: 473-1 **Morfometria e índices zootécnicos em caprinos sem padrão racial definido no município de Governador Dix Sept Rosado - RN**

ANDREZA KELLY SANTOS DE ANDRADE, VITOR LUCAS DE LIMA MELO, RAÍSA RAQUEL DA CUNHA MENEZES, JESANE ALVES DE LUCENA, OTONIEL FELIX DE SOUZA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, DANIEL GLAYDSON FARIAS GUERRA

¹ UFRSA - Universidade Federal Rural do Semi-árido

A caracterização morfométrica é uma importante ferramenta utilizada para conhecer o potencial dos animais e suas aptidões para exploração comercial. A maioria dos criadores visa o retorno econômico da atividade e, assim, a seleção de uma conformação funcional se torna indispensável para o rebanho, já que a mesma influencia a vida produtiva e reprodutiva dos animais. Diante disto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar as medidas morfométricas e índices zootécnicos em pequenas unidades produtivas no município de Governador Dix Sept Rosado/RN. O trabalho foi realizado no ano de 2015. Foram utilizados 42 caprinos sem padrão racial definido (SRPD) selecionados casualmente em 4 pequenas unidades produtivas. Foram determinadas, em centímetros e com auxílio de fita métrica, as medidas corporais: comprimento de corpo (CC), altura de garupa (AG), altura de cernelha (AC), largura de íleos (LII), largura de ísquios (LIs), largura de garupa (LG), circunferência torácica (CT), altura de patas (AP), largura de tórax (LT) e comprimento de garupa (CG). Além disso, os animais foram pesados e foi realizada uma avaliação do escore corporal. Os índices zootécnicos avaliados foram: índice corporal (IC), índice corporal relativo (ICR), índice de capacidade corporal (ICC) e índice de relação de perímetro torácico (IRPC). A análise estatística foi realizada através do teste SNK a 5% de significância. A análise dos resultados obtidos demonstrou que os parâmetros peso, AG, AC, LIs e AP não apresentaram diferença significativa entre os rebanhos. As médias obtidas foram 36,12Kg, 62,86cm, 61,23cm, 9,81cm e 39,69cm, respectivamente. Quanto aos parâmetros EC, LII, LG e CT, a menor média foi obtida no rebanho 4 (2,28, 12,47cm, 14,71cm e 68,35cm, respectivamente). O comprimento corporal dos animais dos rebanhos 1 e 2 foram 67,88cm e 64,22cm, respectivamente. Maior que nos rebanhos 3 (61,40cm) e 4 (60,42cm). Quanto aos índices zootécnicos, não houve diferença significativa para IC e ICC, com médias 0,86 e 0,56, respectivamente. Com relação à ICR e IRPT, as médias dos rebanhos 1 (1,09; 1,26) e 2 (1,04; 1,25) mostraram-se superiores aos rebanhos 3 (1,00; 1,18) e 4 (0,99; 1,12). Conclui-se que os índices zootécnicos e as medidas morfométricas são importantes parâmetros para a seleção de animais fenotipicamente adaptados à região semiárida. Os animais foram classificados quanto ao tamanho como mediolíneos, de baixa estatura, com bom desenvolvimento torácico e com proporção músculo/gordura mediana.

Palavras-chave: barimetria, manejo, pequenos ruminantes, produção

andrezak.andrade@gmail.com

ID: 66-2 **POLIMORFISMOS NOS GENES LCORL E LASP1 E SUAS ASSOCIAÇÕES COM A ALTURA DE EQUINOS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO**

CELIA RAQUEL QUIRINO, AYLTON BARTHOLAZZI JUNIOR, WILDER HERNANDO ORTIZ VEGA, MIGUEL ALEJANDRO SILVA RUA, LUIS FONSECA MATOS, CAROLINE MARÇAL GOMES DAVID

¹ UENF - Universidade Estadual do Norte Fluminense

Para a raças pôneis, a seleção por tamanho determina em grande medida a escolha do reprodutor. A mensuração e registro de medidas lineares são necessários nesta tarefa. A altura na idade adulta de um indivíduo é determinada principalmente pela interação aditiva de dezenas de genes. O objetivo deste trabalho foi analisar mutações nos genes *LCORL* e *LASP1* e suas associações com a altura de animais da raça Pônei Brasileiro. Foram coletadas amostras de pelo de 124 animais do estado do Rio de Janeiro, sendo, 115 da raça Pônei Brasileiro, e 9 equinos de diferentes raças de grande porte, utilizados como grupo controle (Mangalarga Marchador, Mangalarga Paulista, Pampa, Lusitano, Árabe, Quarto de Milha, Paint Horse e Percheron). Foram tomadas as medidas de altura da cernelha e altura da garupa para o estudo de associação com os marcadores moleculares de cada animal. O DNA foi extraído pelo método alcalino. Após a extração de DNA foi realizada a amplificação dos fragmentos de DNA dos genes *LCORL* e *LASP1* pela técnica da reação em cadeia da polimerase; após a amplificação foi realizada a digestão dos fragmentos amplificados com enzimas de restrição, os fragmentos amplificados do gene *LCORL* foram digeridos com a enzima BsrI e no caso do gene *LASP1* com a enzima MwoI. As amostras foram submetidas à eletroforese capilar para a discriminação alélica por tamanho e identificação do polimorfismo. Foi calculada a correlação entre a altura e os genótipos dos genes *LCORL* e *LASP1*. Os animais da raça pônei brasileiro apresentaram estatura média de 0,85m na altura da cernelha. No gene *LCORL* foi observado genótipos T/T e C/C, as frequências genotípica e alélica para o genótipo T/T e do alelo T foram de 99,17%. O genótipo C/C, o alelo C apresentou frequência genotípica e alélica de 0,83%. Os genótipos G/G, A/G e A/A do gene *LASP1* apresentaram frequência genotípica de 3,28%, 42,62% e 54,10%, respectivamente. A mutação avaliada no gene *LCORL* mostrou efeito significativo ($P \leq 0,05$) sendo que o genótipo C/C apresentou o maior valor na altura dos equinos, e foi capaz de diferenciar ($P \leq 0,05$) os animais com altura de superior a 1,60 m. O SNP do gene *LASP1* não apresentou associação com a altura da cernelha dos pôneis. A associação do polimorfismo do gene *LCORL* com a altura dos equinos confirma a influência do gene no crescimento e estatura. Para a seleção genética de pôneis de menor estatura é necessária a identificação de mutações em genes ou regiões do genoma associadas à expressão da característica.

Palavras-chave: associação genômica, PCR-RFLP, SNP, melhoramento genético

crqster@gmail.com

ID: 302-1 **EFEITOS DA INCLUSÃO DE NÍVEIS DE GLICERINA SOBRE A EXPRESSÃO DO GENE COX III NO FÍGADO DE FRANGOS DE CORTE**

ANDRÉ CAMPÊLO ARAUJO, ADRIANA COSTA OLIVEIRA, RENAN DOS SANTOS ARAÚJO, FABIANA CRISTINA BELCHIOR DE SOUSA, KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA, LEILANE ROCHA BARROS DOURADO, DANIEL BIAGIOTTI, GERALDO FÁBIO VIANA BAYÃO

¹ UFPI - Universidade Federal do Piauí, ² UFMA - Universidade Federal do Maranhão, ³ UFV - Universidade Federal de Viçosa, ⁴ UEM - Universidade Estadual de Maringá

O uso de subprodutos na alimentação de animais de produção pode reduzir os custos da atividade e, conseqüentemente, aumentar a lucratividade. A utilização da glicerina bruta na formulação de rações para aves e suínos desperta interesse imediato por se constituir em um produto rico em energia e com alta eficiência de utilização pelos animais. O citocromo C oxidase subunidade III (COX III) está envolvido no metabolismo energético e biogênese mitocondrial no fígado, sendo efetivo como contribuinte na utilização de energia do organismo. É responsável pela modulação de bombeamento de prótons e de transporte de elétrons através dos centros redox. Dessa forma, objetivou-se avaliar o efeito de níveis de glicerina na expressão do mRNA do COX III no fígado de frangos de corte aos 42 dias de idade. O experimento foi conduzido no Setor de Avicultura do Colégio Técnico de Bom Jesus, da Universidade Federal do Piauí, Campus Prof^a Cinobelina Elvas (Bom Jesus- PI). Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos (0, 6 e 12% de glicerina) e seis repetições de cinco aves cada. Seis aves de cada tratamento foram abatidas por deslocamento cervical ao final dos 42 dias e coletaram-se amostras do fígado, que foram armazenadas em micro tubos de 2mL contendo RNA Holder® (BioAgency Biotecnologia, Brasil). A extração do RNA, síntese de cDNA e as reações de PCR em tempo real foram realizadas posteriormente no laboratório de Biotecnologia Animal da Universidade Federal de Viçosa (Labtec, UFV-MG). Utilizou-se a β -actina como controle endógeno. Os resultados obtidos em Ct foram analisados com o *proc MIXED* do software SAS (versão 9.0), as médias dos contrastes foram comparadas pelo teste t de Student e a expressão relativa foi apresentada em $2^{-\Delta Ct}$. Não houve diferença nos níveis de mRNA do COX III no fígado em frangos de corte suplementados com os níveis de glicerina testados. É possível incluir até 12% de glicerina na ração de frangos de corte sem alterar a expressão do gene COX III. Entretanto, são necessários mais estudos, ao nível celular e molecular, para evidenciar possíveis alterações de desempenho e saúde dos frangos de corte submetidos a dietas com inclusão de glicerina.

Palavras-chave: alimento alternativo, aves, Citocromo C, glicerol

andrefuturo7@hotmail.com

ID: 302-2 **EXPRESSÃO GÊNICA DA GLUTATIONA PEROXIDASE EM MÚSCULO DE FRANGOS SUPLEMENTADOS COM DIFERENTES NÍVEIS DE GLICERINA**

ANDRÉ CAMPÊLO ARAUJO, RENAN DOS SANTOS ARAÚJO, ADRIANA COSTA OLIVEIRA, FABIANA CRISTINA BELCHIOR DE SOUSA, KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA, LEILANE ROCHA BARROS DOURADO, WALMIR SILVA, GERALDO FÁBIO VIANA BAYÃO

¹ UFPI - Universidade Federal do Piauí, ² UFMA - Universidade Federal do Maranhão, ³ UFV - Universidade Federal de Viçosa, ⁴ UEM - Universidade Estadual de Maringá

Através da Nutrigenômica é possível entender como os componentes da dieta afetam a expressão dos genes

e descobrir quais genes são induzidos ou reprimidos em face de um determinado nutriente. E em frangos de corte, a inclusão da glicerina, como alimento alternativo, pode influenciar a expressão de genes, tais como, a *Glutathione peroxidase* (GPx) que está relacionada ao estresse oxidativo, consequentemente, ao sistema redox. A GPx constitui uma relevante defesa endógena aos ataques de espécies reativas de oxigênio (ROS), onde inibe a formação de ROS ou impede a interação desses compostos com regiões celulares. Objetivou-se, portanto, comparar a expressão gênica da *Glutathione peroxidase* em músculo de frangos suplementados com diferentes níveis de glicerina. O experimento foi conduzido no Setor de Avicultura do Colégio Técnico de Bom Jesus, da Universidade Federal do Piauí, Campus Profª Cinobelina Elvas (Bom Jesus- PI). Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado com três tratamentos (0, 6 e 12% de glicerina) e seis repetições de cinco aves cada. As amostras de músculos foram coletadas de seis animais com 42 dias de idade de cada um dos três tratamentos e armazenadas em micro tubos contendo RNA Holder® (*BioAgency* Biotecnologia, Brasil) para posterior extração de RNA total e síntese de cDNA. A expressão relativa do gene GPx foi feita por RT-qPCR usando o sistema de fluorescência SYBR Green e o gene β -actina foi utilizado como controle endógeno. As análises foram feitas com o *proc* MIXED do software SAS (versão 9.0) e as médias dos contrastes foram comparadas pelo teste t de Student e a expressão relativa foi apresentada em $2^{-\Delta Ct}$. Não houve diferença significativa ($p>0,05$) na expressão gênica da *Glutathione peroxidase* em músculo de frangos de corte suplementados com diferentes (0, 6 e 12%) níveis de glicerina. Logo, é possível a inclusão de até 12% de glicerina na ração de frangos de corte sem alterar de forma significativa a expressão do gene GPx. Todavia, é necessário mais estudos para entender os mecanismos moleculares que regulam as respostas ao estresse oxidativo em função da inclusão de glicerina na dieta.

Palavras-chave: aves, estresse oxidativo, glicerol, GPx

andrefuturo7@hotmail.com

ID: 419-2 **Genetic associations between weaning weight and reproductive traits in Nelore females**

PATRÍCIA IANA SCHMIDT, GABRIEL SOARES CAMPOS, VIVIANE VASCONCELOS DE LACERDA, FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA, VANERLEI MOZAQUATRO ROSO, ARIONE AUGUSTI BOLIGON

¹ UFPEL - Universidade Federal de Pelotas, ² Gensys - GenSys Associates and Consultants S/S Ltda

*Financiado por: FAPERGS

In Zebu breeds, few studies have been developed to determine whether the growth of females up to weaning is genetically associated with their future reproductive performance. This issue is relevant because cow's sexually precocious and with high fertility rates are desirable. In the present study were estimated the genetic associations between weaning weight (WW) and traits related to reproductive performance (GL: gestation length; DC: days to calving; CI: calving interval) of Nelore females genetically evaluated by Conexão Delta G. A total of 671,167 observations of WW and repeated measures for reproductive traits (GL: 194,440 records of 44,718 cows; DC: 137,624 records of 39,060 cows; CI: 69,296 records of 20,572 cows)

were used. Genetic parameters were estimated by Bayesian inference, in bivariate analysis with a linear animal model. Systematic effects of contemporary group (WW: farm, year and season of birth and weaning management group; GL and CI: farm, year and season of birth and sex of calf; DC: farm, year and season of birth, sex of calf and date of breeding) and covariates (WW: weaning animal age and dam age at calving; GL, DC and CI: female age at measurement) were considered. Random effects included were: direct additive genetic, maternal genetic (only for WW), maternal permanent environmental (only for WW), animal permanent environmental (except for WW) and residual. The WW showed positive and low genetic correlation with GL (0.10 ± 0.03) and CI (0.13 ± 0.06), indicating that the selection for higher WW of young females should result in a slight increase in GL and CI, in advanced generations of selection. On the other hand, it was estimated null genetic association between WW and DC (0.04 ± 0.04), indicating that selection for WW should not promote changes in the number of days to calving of females. This result is favorable, since in most of beef cattle breeding programs there is a significant weighting to growth up to weaning, which could change the reproductive performance of cows if there were moderate to high and unfavorable genetic association between these traits.

Palavras-chave: calving interval, days to calving, gestation length, growth

pati.iana@hotmail.com

ID: 660-1 **Avaliação de longevidade e idade ao primeiro parto para registros censurados em cabras Alpina e Saanen**

MARIANA PEREIRA RIBEIRO, FABYANO FONSECA E SILVA, LAIS COSTA BRITO, SIRLENE FERNANDES LÁZARO, GERALDO IRIA DE SOUZA JUNIOR, MARCELO TEIXEIRA RODRIGUES, MARIANA DA NATIVIDADE FERREIRA VITAL

¹ UFV - Universidade Federal de Viçosa, ² UFRB - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Algumas características no estudo de melhoramento animal são importantes para a eficiência reprodutiva como a idade ao primeiro parto (IPP) e a longevidade, os quais podem conter observações faltantes denominadas de censuradas. Esse estudo teve como objetivo avaliar o efeito da inclusão de dados censurados e não censurados para as características IPP e longevidade considerando um banco de dados de cabras das raças Saanen e Alpina pertencentes ao rebanho de caprinos leiteiros da Universidade Federal de Viçosa. O sistema de acasalamento é realizado por inseminação artificial ou monta controlada induzida, em que as fêmeas são conduzidas às baias dos machos após a identificação do cio. Em todos os reprodutores é realizado o exame andrológico. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos pela combinação de estação e ano de monta. Para IPP, fêmeas com idade inferior a 22 meses foram classificadas como precoces. Os valores dos registros censurados foram definidos utilizando duas estratégias, a primeira considerando como informação fenotípica censurada o maior valor de IPP observado em cada GC e a segunda adicionando o maior valor de IPP do grupo de GC uma penalização de 21 dias. A característica de longevidade foi definida como o intervalo entre o primeiro parto do animal até a ausência de dados do mesmo. Os valores obtidos

como censurados para IPP incluían fêmeas que tiveram sua prenhez confirmada e que possuíam informação de nascimento, resultando em um valor de 888 idades ao primeiro parto, com uma média de $511,25 \pm 76,34$ dias e para os dados não censurados, considerando as estratégias citadas acima, obteve-se um valor de 1371 idades ao primeiro parto, com uma média de $626,81 \pm 301,97$ dias. Para longevidade a princípio tem-se 4125 informações de fêmeas. Após a verificação de inconsistências no banco de dados, obteve-se 1469 informações não censuradas, com média de $897,73 \pm 617,83$, ou seja, mais de 64,39% do total de dados correspondem às informações censuradas. Verificou-se então que a utilização da metodologia de penalização proporcionou o aumento da média e do desvio padrão das características e o aumento do uso das informações. Esses resultados evidenciam a importância de se atentar para a inclusão dessas observações nas avaliações genéticas, o que poderia evitar distorções e gerar melhorias na predição dos valores genéticos e respectivas acurácias.

Palavras-chave: Alpina, Longevidade, Saanen

mariana.nfvital@hotmail.com