GANHOS GENÉTICOS DE ESCORE DE CÉLULAS SOMÁTICAS EM REBANHOS DA RAÇA HOLANDESA NO BRASIL

Timotheo Souza Silveira[1], Júlia Maria Ebeling[2], Cláudio Nápolis da Costa[3], Rodrigo de Almeida[2]

[1]Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, Castro, Brasil. [2]Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Brasil. [3]Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Brasil

INTRODUÇÃO

As características relacionadas a saúde de glândula mamária e a qualidade do leite estão nos últimos anos em evidência, principalmente devido a questões de legislação no Brasil. Buscar melhorias de manejo de rebanhos para que possam estar enquadradas na legislação é um primeiro passo para os produtores. Como estratégia adicional, a escolha de touros melhoradores para essa característica pode contribuir na busca de leite de qualidade.

A Contagem de Células Somáticas (CCS) é reconhecida internacionalmente como indicador de saúde da glândula mamária e da qualidade do leite produzido (Tsenkova et al., 2001). A variação da CCS está associada basicamente à presença de infecções intramamárias no rebanho e depende da duração da infecção, do patógeno envolvido, da presença de doenças intercorrentes, do estádio de lactação, do número de lactações, do grupamento racial, da produtividade dos animais, bem como do manejo e alimentação dos animais (Gonzalez et al., 2003).

A CCS apresenta uma distribuição que não é normalizada e para adequação nos programas de seleção genética é importante a correção; dessa forma um índice com base logarítmica é adotado, sendo obtido pela transformação numérica da CCS (CCS, 1000 células/ml): ECS = log2 (CCS/100) + 3.

Neste contexto, o objetivo deste estudo foi descrever e avaliar a estrutura das bases de dados oficiais de rebanhos da raça Holandesa no Brasil para as características de escore de células somáticas (ECS), bem como os seus valores genéticos, expressos em PTAs, e tendências de ganhos genéticos.

MATERIAL E MÉTODOS

Aproximadamente treze milhões de registros zootécnicos – incluindo partos, controles leiteiros e genealogia – oriundos de rebanhos em controle leiteiro oficial, foram utilizados para realizar as avaliações genéticas em 2022. Os registros de genealogia (ano de nascimento, ascendência no pedigree e origem) e da contagem de células somáticas dos controles leiteiros das três primeiras lactações foram editados para o ano de nascimento (1986 a 2020), ano de parto (1992 à 2021), mês do controle leiteiro, idade ao parto em conformidade com a ordem de lactação, composição racial, tamanho do rebanho e grupo contemporâneo de mês do controle da produção no rebanho. Os registros zootécnicos são coletados através dos técnicos de campo das filiadas da raça Holandesa e enviados para o Herdbook da raça.

Os registros de produção foram avaliados para cada lactação, idade e dias em lactação, eliminando-se os valores extremos (± 3 desvios-padrões). Eliminou-se também animais cuja sequência de datas de controle não coincidisse com o número de dias em lactação. Após tais adequações, foram então analisados mais de cinco milhões de registros de controle leiteiro de mais de 300 mil vacas, progênie de mais de 7,5 mil touros, obtidos em aproximadamente 1400 rebanhos. As predições dos valores genéticos de cada animal foram obtidas pela metodologia de melhor previsão não-viesada (BLUP), com estimativas dos componentes de variância e coeficientes de autocorrelação obtidas por DFREML (Boldman et al. 1995), com o modelo animal auto-

regressivo utilizando os registros do controle leiteiro disponíveis das três primeiras lactações, com o programa MATLAB.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela abaixo estão apresentadas informações sobre a estrutura das bases de dados, valor da média geral, e das estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades por lactação, para escore de células somáticas.

Tabela 1 – Número de controles, animais e rebanhos, com respectiva média de escore de células somáticas (ECS) e estimativas de componentes de variância genética aditiva e residual e da herdabilidade de ECS nas três primeiras lactações de vacas da raça Holandesa no Brasil.

Indicadores / Parâmetros	**ECS**
Média	2,81 ± 2,16
Controles Leiteiros	4.804.549
Vacas	296.485
Touros	7.534
Rebanhos	1.449
Variância genética	0,75 ± 0,009
Variância residual Lact.1/2/3*	1,20/1,30/1,65
Herdabilidade Lact. 1/2/3*	0,19/0,17/0,16

Os valores genéticos (VG) indicam o potencial genético de touros e de vacas, cuja metade é transmitida às suas progênies, e neste caso, estão expressos em PTA (VG/2). A tendência genética caracteriza o progresso genético ou resposta à seleção realizada e o sentido da sua evolução ao longo de um determinado período. A sua avaliação fornece uma indicação de sucesso com relação aos impactos desejados e motiva a identificação de aspectos que possam eventualmente ter comprometido o que se planejou inicialmente. Entre os anos de 2010 e 2019, a PTA para escore de células somáticas (em unidades) variou de, aproximadamente, -0,16 a -0,02. A tendência genética foi favorável até 2017, quando uma inflexão direcionou, com ganhos médios negativos, uma tendência desfavorável nos últimos anos.

CONCLUSÕES E CONSIDERAÇÕES FINAIS

Tais resultados sugerem uma maior atenção aos processos de escolha e acasalamento dos progenitores e, particularmente, para a seleção direcionada para ECS. As estratégias de seleção e acasalamento de touros e vacas definidas pelos criadores determinarão a realização de taxas anuais de ganho para a melhoria genética dos rebanhos, e consequentemente, da raça Holandesa no Brasil, além dos ganhos em produtividade e em eficiência técnico-econômica de seus sistemas de produção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Boldman, K.G., et al. A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agriculture Research Service. 125p, 1995.

Gonzalez, S. G., et al. Influência de fatores raciais e manejo nutricional na contagem de células somáticas e nos constituintes do leite de vacas holandesas e mestiças no Norte do Estado do Paraná, Brasil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v.25, p.323-329, 2003.

Tsenkova, R., et al. Somatic cell count determination in cow's milk by near-infrared spectroscopy: a new diagnostic tool. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2550-2557, 2001.