

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**DISSECÇÃO DA VARIAÇÃO NO PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS DO LEITE DE
RAÇAS ZEBUÍNAS LEITEIRAS**

Alvimara Felix Dos Reis Vasconcelos
Doctor Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

ALVIMARA FELIX DOS REIS VASCONCELOS

**DISSECÇÃO DA VARIAÇÃO NO PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS DO LEITE DE
RAÇAS ZEBUÍNAS LEITEIRAS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientador: Paulo Savio Lopes

Coorientadores: Renata Veroneze
Maria G C Diniz Peixoto

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

V331d
2024

Vasconcelos, Alvimara Felix dos Reis, 1993-

Dissecção da variação no perfil de ácidos graxos do leite de
raças zebuínas leiteiras / Alvimara Felix dos Reis Vasconcelos. –
Viçosa, MG, 2024.

1 tese eletrônica (125 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Paulo Sávio Lopes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Zootecnia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.720>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Bovinos de leite - Genética. 2. Zebu - Genética. 3. Ácidos
graxos. 4. Expressão gênica. I. Lopes, Paulo Sávio, 1958-.
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 636.2142

ALVIMARA FELIX DOS REIS VASCONCELOS

**DISSECÇÃO DA VARIAÇÃO NO PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS DO LEITE DE
RAÇAS ZEBUÍNAS LEITEIRAS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 21 de junho de 2024.

Assentimento:

Alvimara Felix Dos Reis Vasconcelos
Autora

Paulo Savio Lopes
Orientador

Essa tese foi assinada digitalmente pela autora em 05/11/2024 às 15:12:36 e pelo orientador em 09/11/2024 às 16:16:54. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **35NO.VAR1.XJYT** e clique no botão 'Validar documento'.

AGRADECIMENTOS

A Deus por ter me concedido paciência, força e saúde para completar essa fase.

Ao meu esposo Lúcio Júnior, aos meus pais Mara Sandra e Jamar e a minha irmã Lumara pelo apoio emocional, sem vocês talvez essa conquista não fosse possível. Aos quatro por serem minha base sólida de confiança e determinação. Aos meus familiares e amigos por me incentivar cada vez mais a correr atrás dos meus objetivos.

Ao meu orientador Paulo Sávio e minhas co-orientadoras Maria Gabriela, Renata e Maria Raquel, pelo incentivo e pelo conhecimento que a mim foi transmitido. Aos professores do Programa de Pós- Graduação em Zootecnia e aos colegas do Grupo de Discussão em Genética e Melhoramento Animal, vocês foram fundamentais, direta ou indiretamente pelo sucesso desse trabalho.

Ao Dr. Fernando César Ferraz Lopes pelo auxílio na categorização das dietas utilizadas no estudo. Aos membros do laboratório de Genética Humana e Médica da UFMG, em especial a Marlene pelo apoio na execução das análises laboratoriais, sem vocês essa parte do projeto seria mais difícil de ser executada.

Aos criadores das raças Gir e Guzera pela cessão de dados zootécnicos e amostras de leite para a realização deste estudo.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realizar a pós-graduação.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos vocês meu MUITO OBRIGADA!

“[...] Até aqui nos ajudou o Senhor”.
1 Samuel 7:1

RESUMO

VASCONCELOS, Alvimara Felix Dos Reis, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2024. **Dissecção da variação no perfil de ácidos graxos do leite de raças zebuínas leiteiras.** Orientador: Paulo Savio Lopes. Coorientadores: Renata Veroneze e Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto.

As raças zebuínas (*Bos indicus*) são capazes de produzir leite com alto teor de gordura e sólidos totais de forma competitiva em sistemas a pasto. Na pecuária leiteira nacional as raças zebuínas que mais se destacam são as raças Gir e Guzerá, que são usadas como raça pura ou em cruzamentos com animais *Bos taurus*. A qualidade nutricional da gordura do leite bovino, principalmente em relação à qualidade do seu perfil de ácidos graxos (AG), tem sido extensivamente estudada, em especial, com foco na saúde humana. Diversos fatores, como manejo nutricional e fatores genéticos podem alterar o perfil de ácidos graxos da gordura do leite bovino. Os resultados mais comuns apontam que os ácidos graxos sintetizados de novo na glândula mamária estão sobre maior controle genético do que os ácidos graxos (AG) pré-formados. Polimorfismos encontrados no gene da estearoil Co-A dessaturase 1 (SCD1) foram associados a parte da variação encontrada no perfil de AG da gordura do leite bovino. Assim, o objetivo geral desta tese foi caracterizar fenotípica e geneticamente o perfil de AG, os índices de qualidade nutricional da gordura do leite e os índices de insaturação do leite de vacas Gir e Guzerá, com vistas à seleção futura para a melhoria da composição e da qualidade do leite dessas raças focadas na saúde humana. No primeiro estudo foram estimados os parâmetros genéticos do perfil de AG da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá. As médias a posteriori das estimativas de herdabilidade variaram de moderadas a altas. As médias a posteriori das correlações genéticas apresentaram padrões diferentes para cada raça, sendo que, para a raça Gir, a maioria das correlações estimadas foram nulas. Independentemente da raça, os ácidos graxos de cadeia curta e média apresentaram correlações positivas e altas entre si. No segundo estudo, foi realizado estudo de associação do polimorfismo encontrado no gene da SCD1 com o conteúdo dos ácidos graxos individuais e os índices de insaturação do perfil de AG da gordura do leite de vacas Guzerá. Nesse estudo, parte dos animais Guzerá apresentaram um padrão de picos nos cromatogramas, sugerindo a presença de uma INDEL no éxon 5 do gene

da SCD1. O polimorfismo do gene da SCD1 teve efeito significativo sobre os AG monoinsaturados e sobre os índices de insaturação C14:1 e C18:1. Essa tese forneceu os primeiros resultados sobre a análise genética quantitativa do perfil de ácidos graxos do leite de vacas zebuínas e também o primeiro estudo de associação do polimorfismo do gene da SCD1 com o perfil de ácidos graxos na raça Guzerá. Os resultados deste estudo demonstram que as estimativas das herdabilidades para o perfil de AG das raças Gir e Guzerá são iguais ou maiores do que as herdabilidades das características de produção de leite, que são geralmente utilizadas nos programas de melhoramento, revelando a perspectiva de resposta à seleção direta e indireta para estas características. Ademais verificou-se o efeito significativo do gene da SCD1 sobre o perfil de AG insaturados da gordura do leite de vacas Guzerá.

Palavras-chave: bos indicus; ; gado de leite; ; perfil lipídico; ; scd1; ; parâmetros genéticos; ; inferência bayesiana.

ABSTRACT

VASCONCELOS, Alvimara Felix Dos Reis, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2024. **Dissection of the variation in the fatty acid profile of milk from Zebu dairy breeds.** Adviser: Paulo Savio Lopes. Co-advisers: Renata Veroneze and Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto.

Zebu breeds (*Bos indicus*) produce milk with high fat content and total solids competitively in pasture-based systems. In Brazilian dairy farming, the most prominent Zebu breeds are Gir and Guzará. These breeds are used either as pure breeds or in crossbreeding with *Bos taurus* animals. The nutritional quality of bovine milk fat, particularly regarding its fatty acid (FA) profile quality, has been extensively studied, especially focusing on human health. Several factors, such as nutritional management and genetic factors, may modify the fatty acid profile of bovine milk fat. The most common findings suggest that the fatty acids synthesized *de novo* in the mammary gland are under greater genetic control than the preformed fatty acids (FA). Polymorphisms in the stearoyl Co-A desaturase 1 (SCD1) gene have been associated with part of the variation found in the FA profile of bovine milk fat. Thus, the general objective of this thesis was to characterize, phenotypically and genetically, the FA profile, the nutritional quality indexes of milk fat, and the unsaturation indexes of milk from Gir and Guzará cows. It contributes to the future implementation of selection to improve the composition and quality of milk from these breeds, focusing on human health. In the first study, the genetic parameters for the FA profile of milk fat from Gir and Guzará cows were estimated. The posterior means of the heritability estimates ranged from moderate to high. The posterior means of genetic correlations showed different patterns for each breed, with most of the estimated correlations being null for the Gir breed. Regardless of the breed, short- and medium-chain fatty acids showed positive and high correlations among themselves. In the second study, we evaluated the association of a polymorphism found in the SCD1 gene with the content of individual fatty acids and FA unsaturation indexes of Guzará cows. Part of the evaluated Guzará animals showed a pattern of peaks in the chromatograms, suggesting the presence of an INDEL in exon 5 of the SCD1 gene. The polymorphism in the SCD1 gene was significantly associated with monounsaturated FA content and with the unsaturation indexes C14:1 and C18:1. This thesis provided the first results on the quantitative genetic analysis of Zebu cow's milk fatty acid profile, as well

as the first association study of the SCD1 gene polymorphism with the fatty acid profile in Guzerá breed. The results of this study demonstrate that the heritability estimates for the FA profile of the Gir and Guzerá breeds are equal to or greater than the heritabilities for milk production traits, which are commonly used in breeding programs. Thus, it reveals the potential for direct and indirect selection responses for these traits. Additionally, we observed a significant effect of the SCD1 gene polymorphism on the unsaturated milk FA profile of Guzerá cows.

Keywords: bos indicus;; dairy cattle;; lipidic composition;; scd1;; genetic parameters;; bayesian inference.

LISTA DE FIGURAS E GRÁFICOS

CAPÍTULO 2

Figura 1- Distribuição dos indivíduos dentro de cada grupo contemporâneo para o perfil de ácidos graxos do leite de vacas Gir	58
Figura 2 - Distribuição dos indivíduos dentro de cada grupo contemporâneo para o perfil de ácidos graxos do leite de vacas Guzerá	59
Figura 3 - Médias <i>a posteriori</i> das estimativas dos coeficientes de correlação genética entre produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais do leite de vacas Gir	74
Figura 4 - Médias <i>a posteriori</i> das estimativas dos coeficientes de correlação genética entre produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais do leite de vacas Guzerá.....	75

APÊNDICE B

Gráfico 1- Distribuição dos ácidos graxos saturados (A) e insaturados (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir.....	93
Gráfico 2 - Distribuição dos grupos de ácidos graxos (A) e índices de insaturação (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir	94
Gráfico 3 - Distribuição dos ácidos graxos saturados (A) e insaturados (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Guzerá.....	95
Gráfico 4- Distribuição dos grupos de ácidos graxos (A) e índices de insaturação (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Guzerá.....	96

CAPÍTULO 3

Figura 1- Região amplificada do gene da SCD1, em destaque na cor rosa estão os pares de <i>primers</i> , em amarelo os dois SNPs de interesse e em negrito o éxon 5. Fragmento retirado da sequência ARS-UCD1.2, cromossoma 26 bovino.....	103
Figura 2- Eletroforese em gel de acrilamida com a confirmação dos resultados das PCR e do tamanho do fragmento amplificado. De 1 ao 9 são os resultados de PCR das amostras de bovinos Guzerá. Primeira coluna: <i>ladder</i> , 100 pb.....	108
Figura 3- Cromatograma usado na classificação visual dos resultados do sequenciamento Sanger do gene da SCD1 nas amostras de DNA de vacas Guzerá, apresentando os SNPs de interesse e as sequências conservadas no início do íntron 5 (bases GT)	109

APÊNDICE A

Figura 1- Eletroforese em gel dos *amplicons* (A e B) das amostras de DNA de vacas Guzerá para as combinações de pares de *primers* testadas inicialmente. Cond.1 = condição 1: *primer* (F) A1 e *primer* (R) A2; Cond.2= condição 2: *primer* (F) A1 e *primer* (R) B2; Cond.3=condição 3: *primer* (F) B1 e *primer* (R) A2; Cond.4=condição 4: *primer* (F) B1 e *primer* (R) B2..... 120

APÊNDICE C

Figura 1 - Genótipos encontrados no sequenciamento da região do exon5 do gene da SC1 de amostras de vacas Guzerá e classificadas como normais para os dois SNPs rs41255693 e rs208932125. As setas demonstram os picos: em azul representa a base C, em verde a base A, em vermelho a base T e preto a base G, duas setas no mesmo pico representam os heterozigotos..... 122

ANEXO A

Figura 1- Os principais problemas encontrados na leitura de cromatogramas de DNA de produtos de PCR baseados no método de sequenciamento Sanger: Ruído aceitável (A); Ruído não aceitável (B); Pico assimétrico (C); Pico mal espaçado (D); Picos heterozigotos reais: em Duplo diploide. picos de infecção; em haplóides (E); Picos heterozigotos enganosos (F); Picos de gagueira (G); Artefatos sorridentes (H); final (a jusante) do rastreamento (I); Início (*upstream*) do rastreamento (J); Picos distorcidos (L); Ponta multicolorida (M); Bolha de tinta (N)..... 124

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 - Concentração dos principais ácidos graxos encontrados em maior proporção na gordura do leite bovino e CLA de diversas raças de acordo com a literatura.....	31
Tabela 2- Herdabilidades e repetibilidades estimadas para os principais e potenciais ácidos graxos relacionados à saúde humana.....	32

CAPÍTULO 2

Tabela 1- Nomenclatura dos ácidos graxos individuais e dos grupos estudados	53
Tabela 2 - Nomenclatura dos índices de qualidade nutricional da gordura do leite e índices de insaturação estudados.....	54
Tabela 3- Ácidos graxos e fórmulas que foram utilizadas para o cálculo dos grupos do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá.....	55
Tabela 4 - Ácidos graxos e fórmulas que foram utilizadas para o cálculo dos índices do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá	56
Tabela 5 – Número de animais (N) por classe de idade e categoria de dieta fornecida às vacas Gir amostradas para o estudo do perfil de ácidos graxos.....	57
Tabela 6- Número de animais (N) por classe de idades e categoria de dieta fornecida para as vacas Guzerá amostradas para o estudo do perfil de ácidos graxos	58
Tabela 7- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Gir	62
Tabela 8- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo dos grupos de ácidos graxos e índices de qualidade nutricional e índices de insaturação (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Gir	63
Tabela 9- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá.....	64
Tabela 10- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo dos grupos de ácidos graxos e índices de qualidade nutricional e índices de insaturação (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá	65
Tabela 11– Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância	

residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e dos ácidos graxos individuais da gordura do leite de vacas Gir	68
Tabela 12– Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σa^2), variância residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) dos grupos de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir	69
Tabela 13– Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σa^2), variância residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) dos índices de qualidade nutricional e insaturação da gordura do leite de vacas Gir	70
Tabela 14– Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σa^2), variância residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e dos ácidos graxos individuais da gordura do leite de vacas Guzerá	71
Tabela 15 – Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σa^2), variância residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) dos grupos de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Guzerá.....	72
Tabela 16 – Médias <i>a posteriori</i> , desvio padrão <i>a posteriori</i> (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σa^2), variância residual (σe^2) e herdabilidade (h^2) dos índices de qualidade nutricional e insaturação da gordura do leite de vacas Guzerá.....	73

APÊNDICE A

Tabela 1 - Estimativas das herdabilidades dos principais ácidos graxos associados à saúde humana encontrados na literatura.....	92
---	----

APÊNDICE C

Tabela 1– Médias <i>a posteriori</i> das estimativas de correlação genética entre o perfil de ácidos graxos e produção de leite ($rG - PL305$), produção de gordura ($rG - G305$) de vacas Gir e Guzerá.....	97
Tabela 2 - Médias <i>a posteriori</i> das estimativas de correlação genética, desvio padrão <i>a posteriori</i> e intervalo de credibilidade dos ácidos graxos individuais de vacas Gir	98

Tabela 3- Médias <i>a posteriori</i> das estimativas de correlação genética, desvio padrão a posteriori e intervalo de credibilidade dos ácidos graxos individuais de vacas Guzerá	99
--	----

CAPÍTULO 3

Tabela 1 - Localização dos <i>primers</i> utilizados no gene da SCD1	103
Tabela 2– Número de animais (N) em cada classe desde idade e categoria de dieta fornecida às vacas Guzerá amostradas neste estudo.....	105
Tabela 3- Média $\pm$ desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo e máximo do perfil de ácidos graxos da gordura do leite (g/100 g de ácidos graxos totais) de vacas Guzerá	107
Tabela 4- Efeito do gene da SCD1 sobre o perfil de ácidos graxos (g/100 de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá.....	110

APÊNDICE A

Tabela 1- <i>Primers</i> desenhados para flanquear a região do éxon 5 do gene da SCD1	119
---	-----

APÊNDICE C

Tabela 1 - Frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo do gene da esteroil Co-A dessaturase-1 em amostras de vacas Guzerá	123
--	-----

LISTA DE SIGLAS

ABCGIL- Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro
ABCZ- Associação Brasileira dos Criadores de Zebu
ACCA - acetil-CoA carboxilase alfa
ACSL - acil-CoA sintase de cadeia longa
AG- Ácido graxo
AGCC- Ácidos Graxos de cadeia curta
AGCIR- Ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada
AGCL- Ácidos graxos de cadeia longa
AGCM- Ácidos graxos de cadeia média
AGI- Ácidos graxos insaturados
AGM- Ácidos graxos monoinsaturados
AGP- Ácidos graxos poli-insaturados
AGPAT - acilglicerol fosfato aciltransferase
AGS- Ácidos graxos saturados
BEN- Balanço energético negativo
BTN1A1- Butirofilina, subfamília1, membro A1
C10:0 – Ácido cáprico
C12:0 – Ácido láurico
C14:0 – Ácido mirístico
C16:0- Ácido palmítico
C18:0- Ácido esteárico
C18:1 cis-9- Ácido oleico
C18:1 trans-11 – Ácido vacênico
C4:0 – Ácido butírico
C8:0 – Ácido caprílico
CBMG² – Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá
CD36 - translocador de ácido graxo
CLA – Ácido rumênico (ácido linoléico conjugado)
CSS2 - membro 2 da família de cadeia curta da acil-CoA sintetaseA
DGAT1 - diacilglicerol diacetiltransferase-1
FABP3 - proteína de ligação de ácido graxo-3
FAO- Food and Agriculture Organization

FASN - ácido graxo sintase

HH – Relação entre ácidos graxos hipocolesterolêmicos e ácidos graxos hipercolesterolêmicos

IA- índice aterogênico

IIT- índice de insaturação total

IT- índice trombogênico

MOET- Multiple Ovulation and Embryo Transfer

PG305- Produção de gordura truncada em 305 dias

PL305- Produção de leite truncada em 305 dias

PNMGL – Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro

PNMGuL- Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite

PPARGC1A - receptor gama ativado por proliferador de peroxissoma, coativador 1 alfa

SCD1- esteroil coenzima-A desaturase-1 ou $\Delta 9$ -desaturase

SLC27A - proteína de transporte de ácidos graxos 27^a

SREBF1 - fator de transcrição de ligação ao elemento regulador de esterol 1

ω -6/ ω -3- Relação entre ácidos graxos ômega-6 e ômega-3

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS E GRÁFICOS	9
LISTA DE TABELAS	11
LISTA DE SIGLAS.....	14
CAPÍTULO 1	19
1. INTRODUÇÃO GERAL	19
1.2. REVISÃO DE LITERATURA	22
1.2.1. Raças Zebuínas para produção de leite no Brasil	22
1.2.1.1. A raça Gir	22
1.2.1.2. A raça Guzerá	23
1.2.2. Perfil de ácidos graxos do leite bovino	24
1.2.2.1 Análise do perfil de Ácidos graxos.....	24
1.2.2.2 Perfil de ácidos graxos e seu impacto na saúde humana	25
1.2.2.3 Ácidos graxos individuais e grupos	26
1.2.2.4 Índices de qualidade nutricional da gordura do leite	27
1.2.3. Fatores que afetam o perfil de ácidos graxos da gordura do leite bovino.....	29
1.2.4. Parâmetros genéticos do perfil de ácidos graxos do leite bovino.....	31
1.2.5. Genes envolvidos no metabolismo de ácidos graxos na glândula mamária bovina.....	34
1.2.5.1 Gene estearoil-Coenzima A desaturase-1 e o perfil de ácidos graxos do leite bovino.....	35
1.3. OBJETIVOS DA TESE	37
1.3.1. Objetivo Geral	37
1.3.2. Objetivos Específicos	37
REFERÊNCIAS.....	38
CAPÍTULO 2	48
Parâmetros genéticos do perfil de ácidos graxos da gordura do leite produzidos por vacas das raças Gir e Guzerá usando abordagem Bayesiana	48
2.1. RESUMO	48
2.2. INTRODUÇÃO.....	49
2.3. MATERIAIS E MÉTODOS	51
2.3.1. Dados fenotípicos e genealógicos	51
2.3.2. Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	59
2.4. RESULTADOS	61

2.4.1. Estatística descritiva das características de produção e perfil de ácidos graxos	61
2.4.2. Parâmetros genéticos das características de produção e perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá	66
2.4.2 Herdabilidade.....	66
2.4.3 Correlação genética.....	66
2.5. DISCUSSÃO.....	76
2.5.1. Estatística descritiva.....	76
2.5.2 Herdabilidade.....	77
2.5.3 Correlações genéticas para produção de leite, de gordura e de ácidos graxos individuais.....	79
2.6. CONCLUSÕES.....	82
Declaração de Ética.....	82
REFERÊNCIAS.....	82
APÊNDICE A – Estimativas das herdabilidades dos ácidos graxos na literatura.....	92
APÊNDICE B- Gráficos das distribuições dos ácidos graxos (AG), de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir e Guzerá utilizadas neste estudo	93
APÊNDICE C – Tabelas completas das médias <i>a posteriori</i> das estimativas de correlações genéticas	97
CAPÍTULO 3	100
Polimorfismo no gene estearoil Co-A dessaturase-1 e sua associação com o perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Guzerá	100
3.1 RESUMO	100
3.2 INTRODUÇÃO	101
3.3 MATERIAIS E MÉTODOS	102
3.3.1 Coleta das amostras de leite e sangue	102
3.3.2 Extração do DNA, desenho dos <i>primers</i> , PCR e sequenciamento	102
3.3.2 Análise do sequenciamento Sanger	104
3.3.4 Análise da composição de ácidos graxos da gordura do leite	104
3.3.5 Construção do banco de dados, classificação da idade ao parto e das dietas	105
3.3.6 Análise estatística	106
3.4 RESULTADOS.....	106
3.5 DISCUSSÃO.....	110

3.6 CONCLUSÕES.....	113
Declaração de Ética.....	113
REFERÊNCIAS.....	113
Apêndice A – Descrição da fase teste inicial: desenho e escolha dos <i>primers</i>	119
APÊNDICE B – Protocolo de purificação de DNA.....	121
APÊNDICE C- Caracterização dos SNP rs41255693 e rs208932125 presentes no éxon 5 do gene da estearoil Co-A dessaturase 1 em bovinos da raça Guzerá	122
ANEXO A – Caracterização dos picos nos cromatogramas	124
CAPÍTULO 4	125
4.1. CONCLUSÃO GERAL.....	125

CAPÍTULO 1

1. INTRODUÇÃO GERAL

No Brasil, quase 80% dos rebanhos bovinos são compostos por raças zebuínas (*Bos indicus*, ABCZ, 2023). Na pecuária leiteira se destacam as raças zebuínas Gir e Guzerá, que estão em evidência pela rusticidade, capacidade de se adaptarem a ambientes desafiadores, boa habilidade materna e por produzirem leite de forma econômica, ou seja, a pasto com baixo uso de insumos (Ferreira *et al.*, 2022; Madalena; Peixoto; Gibson, 2012; Peixoto *et al.*, 2010). Nos sistemas de produção de leite, a Gir e a Guzerá são utilizadas como raça pura ou em cruzamentos com animais *Bos taurus*. O leite oriundo de raças zebuínas é caracterizado por apresentar maior conteúdo de sólidos totais e teor de gordura em relação às raças taurinas (Acosta-Balcazar *et al.*, 2022). Tais particularidades tornam o leite de vacas zebuínas interessante para a produção de derivados lácteos.

O leite bovino apresenta em torno de 70% de ácidos graxos saturados (AGS), 25% de ácidos graxos monoinsaturados (AGM) e 5% de ácidos graxos poli-insaturados (AGP; Grummer, 1991). Cada ácido graxo (AG) individual que compõe esses grupos pode exercer efeitos bioativos, prejudiciais, preventivos ou neutros em diversas doenças metabólicas em humanos (Blaak *et al.*, 2020; Bouter *et al.*, 2018; Claeys *et al.*, 2014; Coppola *et al.*, 2022; Kesztycka *et al.*, 2013; Meneses *et al.*, 2015; Roopashree; Shetty; Kumari, 2021; Zhang *et al.*, 2021). Contudo, os grupos dos AGS e ácidos graxos insaturados (AGI) são os que mais ganham visibilidade nas pesquisas relacionadas ao papel dos AG na saúde humana. A primeira classe tem sido associada ao aumento de doenças cardiometabólicas e a segunda, à prevenção dessas doenças.

O perfil de AG da gordura do leite bovino é influenciado por diversos fatores, como nutrição, fase de lactação e ordem de parto, estado energético da vaca, raça, entre outros (Riuzzi *et al.*, 2021; Samková *et al.*, 2021; Singh *et al.*, 2018). O principal e mais estudado é a dieta. Entretanto, foi relatado que vacas que receberam a mesma dieta apresentaram variação no perfil de AG da gordura do leite (Soyeurt *et al.*, 2006; Gama *et al.*, 2013), sugerindo a possibilidade de modificação do perfil de AG pela seleção de animais superiores para essas características (Freitas *et al.*, 2020).

Os AG encontrados na gordura do leite bovino são oriundos de duas fontes principais: síntese *de novo* na glândula mamária e captação via corrente sanguínea

de ácidos graxos pré-formados, que são fornecidos pela dieta, pela biohidrogenação ruminal ou pela mobilização da gordura corporal. A maioria dos ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) e média (AGCM) é sintetizados *de novo* na glândula mamária, enquanto os ácidos graxos de cadeia longa (AGCL) são pré-formados no rúmen. Os AG provenientes da síntese *de novo* estão sob maior controle genético do que os ácidos graxos pré-formados (Bobbo *et al.*, 2020; Hossein-Zadeh, 2021).

De maneira geral, há consenso na literatura de que os AGS apresentam estimativas de herdabilidade superiores às dos AGI, devido, possivelmente, à maioria dos AG individuais saturados serem sintetizados *de novo* na glândula mamária (Chilliard *et al.*, 2000). A mesma premissa se expande para AGCC e AGCM quando comparados aos AGCL (Fleming *et al.*, 2018).

Polimorfismos encontrados em genes que participam do metabolismo lipídico são responsáveis por uma parte da variação encontrada no perfil de AG da gordura do leite bovino (Garnsworthy *et al.* 2010; Marchitelli *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2020). Com o intuito de aumentar a concentração de AGI na gordura, pesquisas estão se voltando para genes que codificam enzimas capazes de desaturar AGS e alguns AGM. O mais estudado é o gene que codifica a enzima estearoil Coenzima-A dessaturase 1 (SCD1), que é altamente expresso na glândula mamária e é capaz de inserir uma ligação *cis* entre os carbonos 9 e 10 de AGS e AGM (Mele *et al.*, 2007).

Estudos relatam que a maior parte do ácido linoleico conjugado (CLA, sigla do inglês *conjugated linoleic acid*), um importante ácido graxo encontrado no leite e relacionado à saúde humana, é produto da dessaturação proporcionada pela ação da enzima SCD1 na glândula mamária sobre o seu precursor C18:1 *trans*-11 (Pegolo *et al.*, 2013). O polimorfismo do gene da SCD1 mais estudado é o rs41255693, que é responsável por provocar uma mudança de aminoácidos na posição 293 da proteína (p.A293V), de valina para alanina (Houga *et al.*, 2018). Essa mudança pode, consequentemente, afetar a função da enzima SCD1, por estar localizada na terceira região rica em histidina da enzima, região importante para sua atividade catalítica (Shanklin *et al.*, 1994). Pesquisas com esse foco são extensivamente conduzidas em raças taurinas. Porém, em raças zebuínas, os estudos são recentes. Matosinho *et al.* (2023), identificaram que a amostra de animais da raça Gir foram monomórfica para esse polimorfismo (rs41255693).

Em vista da importância da qualidade nutricional da gordura do leite em relação ao seu perfil de ácidos graxos mais saudáveis à nutrição humana, da relevância do

uso de animais zebuínos para os sistemas de produção de leite no Brasil e da demanda pela inclusão de novos fenótipos de interesse econômico nos objetivos de seleção, como aqueles voltados à qualidade nutricional e nutracêutica do leite, torna-se relevante estudar a variação e a arquitetura genética do perfil de AG da gordura do leite dessas raças, visando estabelecer critérios de seleção para obtenção de animais capazes de produzir um leite de melhor qualidade para consumo humano.

1.2. REVISÃO DE LITERATURA

1.2.1. Raças Zebuínas para produção de leite no Brasil

Os animais zebuínos (*Bos indicus*) integram a maior parte dos rebanhos brasileiros, representando em torno de 80% do efetivo bovino nacional (ABCZ, 2023). Esses animais são escolhidos por diversos sistemas de produção devido à sua capacidade de produção de leite e/ou carne em ambientes desafiadores, sendo usados como raça pura ou em estratégias de cruzamentos para obtenção de animais adaptados a ambientes tropicais, principalmente os adversos (Hortolani *et al.*, 2022; Peixoto *et al.*, 2021; Santos *et al.*, 2017).

As duas raças zebuínas que mais se destacam nos sistemas leiteiros do Brasil são as raças Gir e Guzerá. Esses animais representam um importante recurso genético para a agropecuária nacional, pois são capazes de produzir leite de forma competitiva, ou seja, a pasto com baixo uso de insumos, que é uma característica de grande parte dos sistemas de produção de leite no Brasil (Madalena; Peixoto; Gibson, 2012; Peixoto *et al.*, 2010). De acordo com Acosta-Balcazar *et al.* (2022), as raças zebuínas produzem leite com uma maior porcentagem de gordura e de sólidos totais quando comparadas com algumas raças taurinas, o que as coloca como um recurso alternativo para ser usado na pecuária leiteira, principalmente, para a produção de leite destinado à fabricação de derivados lácteos.

1.2.1.1. A raça Gir

A raça Gir foi introduzida no Brasil entre os anos de 1870 e 1962. Os primeiros animais vieram da Índia, em particular da península de Kathiawar (Santana Júnior *et al.*, 2014). Em 1985, foi iniciado o “Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro” (PNMGL), fruto da parceria entre a Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) e a Embrapa Gado de Leite, com o apoio técnico da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) (Fernandes *et al.*, 2019; Panetto *et al.*, 2023). No PNMGL é utilizado o esquema de teste de progênie e são avaliadas características de produção, conformação e manejo, temperamento e facilidade de ordenha (Panetto *et al.*, 2023).

A raça Gir constitui, atualmente, uma das principais raças puras utilizadas para produção de leite no Brasil (Hortolani *et al.*, 2022), sendo usada principalmente nos estados de Minas Gerais, Goiás e São Paulo, e, até novembro de 2020, contava com 807.790 animais registrados (ABCZ, 2023). Além do alto potencial genético para

produção de leite, esses animais são utilizados em cruzamentos para conferir também tolerância ao calor e resistência a parasitas às vacas produzidas (Santos *et al.*, 2013). O mestiço mais conhecido é o Girolando (5/8 Holandês e 3/8 Gir), uma composição racial definida para formação de uma raça leiteira sintética no Brasil. A raça Gir e seus mestiços produzem, em 305 dias de lactação, média de 3.719 ± 2.102 kg de leite, $128,00 \pm 77$ kg de gordura, $119,00 \pm 72$ kg de proteína, e $480,00 \pm 280$ kg de sólidos totais, e possuem duração média de lactação de 273 dias (Panetto *et al.*, 2023). O Brasil fornece genética melhorada do Gir Leiteiro para países como a Colômbia, Equador e Costa Rica, e a cada ano há um crescimento das exportações de material genético para várias regiões tropicais da América Latina (Panetto *et al.*, 2022-congresso; Toro-Ospina *et al.*, 2023).

1.2.1.2. A raça Guzerá

A raça Guzerá é originária do Estado de Gujarat, na Índia, e foi introduzida no Brasil ao final do século XIX. Até os anos 30, era a raça zebuína pura predominante no país. Entretanto, a partir dessa época o número de animais diminuiu devido ao crescente uso do Guzerá na formação de diversos grupamentos genéticos, como Indubrasil, Tabapuã, Brahman, Pitangueiras, Guzolanda, Guzonel, entre outros (Penna *et al.*, 2005).

No Brasil, raça é caracterizada por possuir dupla aptidão, potencial de produzir carne e leite, sendo selecionada para ambos os propósitos, ou seja, para as duas características. O Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL) foi iniciado em 1994 pela Embrapa Gado de Leite em parceria com o Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá (CBMG²), envolvendo durante sua execução diversas outras instituições públicas e privadas (Bruneli *et al.*, 2023). O PNMGuL foi iniciado com base em dois esquemas: o teste de progênie e o núcleo MOET (do inglês *Multiple Ovulation and Embryo Transfer* ou, em português, Múltipla Ovulação e Transferência de Embriões), nos quais são avaliadas características leiteiras, de conformação, manejo, e reprodução. O Guzerá é a única raça a ter programas de melhoramento integrados, capazes de fornecer material genético provado para características de corte e leite de forma simultânea (Penna *et al.*, 2015; Carvalho *et al.*, 2023).

Em 1995, em razão da rusticidade apresentada pela raça Guzerá e sua capacidade de produção a pasto (Peixoto *et al.*, 2021), a raça foi incluída na lista da

FAO de recursos genéticos de animais domésticos a serem preservados por manejo (FAO, 1995). De acordo com Ferreira *et al.* (2022), essa raça se adapta a diversos ambientes e apresenta bom desempenho na produção de leite e/ou carne, além de alta habilidade materna. Os rebanhos brasileiros estão localizados principalmente nos biomas Cerrado e Caatinga, distribuídos nas regiões Centro-Oeste, Nordeste e Sudeste do Brasil (Peixoto *et al.*, 2022). Atualmente, é o terceiro maior rebanho de raça pura (*Bos indicus*) do país e, até novembro de 2020, foram registrados 499.526 animais (ABCZ, 2023). As vacas produzem em média $1.991,17 \pm 980,90$ kg de leite em 305, $82,82 \pm 37,06$ de gordura, $62,08 \pm 27,16$ de proteína e $227,02 \pm 96,30$ de sólidos totais (Carrara *et al.*, 2022). Da mesma forma que ocorre com a raça Gir, o Brasil exporta material genético provado da raça Guzerá para vários países da América Latina.

1.2.2. Perfil de ácidos graxos do leite bovino

1.2.2.1 Análise do perfil de Ácidos graxos

A composição da fração lipídica de matrizes alimentares pode ser determinada por diferentes técnicas analíticas, mas a cromatografia gasosa é considerada o padrão-ouro para a determinação do perfil de AG no leite. Ela permite a separação de uma ampla gama de AG, desde os mais comuns até os mais raros (Soyeurt *et al.*, 2006). No entanto, por ser um processo que demanda muito tempo e de custo elevado, é muito difícil realizar a análise do perfil de AG em larga escala, o que limita o tamanho das amostras nos estudos.

A espectroscopia de infravermelho médio (MIR, do inglês *Mid-Infrared Spectroscopy*) é utilizada rotineiramente para análise de várias amostras. Contudo, existe a necessidade de compará-los com o método de cromatografia gasosa para garantir sua validade, adequação e a confiabilidade dos resultados analíticos (Soyeurt *et al.*, 2006). Samková *et al.* (2020) e Akhgar *et al.* (2021), concluíram que o uso de métodos indiretos para a determinação da composição do perfil de AG é mais preciso para os grupos ou ácidos graxos individuais que são encontrados em maior proporção na gordura do leite, como os AGS, AGI e C16:0.

Portanto, a escolha entre cromatografia gasosa e MIR para a quantificação do perfil de AG na gordura do leite depende dos objetivos específicos da análise, dos recursos disponíveis e da necessidade de precisão versus rapidez e eficiência de

custo. Ambas as técnicas têm seu espaço e relevância, sendo muitas vezes complementares em um programa abrangente de análise de qualidade do leite.

1.2.2.2 Perfil de ácidos graxos e seu impacto na saúde humana

O leite de origem animal é um dos produtos mais consumidos no mundo. O leite de ruminantes é um alimento de baixo custo e que fornece nutrientes essenciais à alimentação humana. O leite é fonte de proteínas de alto valor nutricional, gorduras, carboidratos, minerais e vitaminas, o que sustenta o seu papel como alimento base da dieta humana (Cordain *et al.* 2015; Gómez-Cortés *et al.*, 2018; Taormina *et al.*, 2020). Nesse contexto, a gordura do leite, que anteriormente foi alvo de depreciação pelos supostos riscos à saúde humana, tem sido extensivamente estudada quanto a seus benefícios para a saúde.

A gordura láctea de origem de ruminantes representa a fonte mais complexa de gordura natural, sendo composta por uma gama de substâncias lipídicas. Sua composição inclui 98% de triglicerídeos e, em menor concentração, são encontrados os diacilglicerídeos (0,25-0,48%), monoacilglicerídeos (0,02-0,04%), fosfolipídeos (0,06-1%), colesterol (0,2-0,4%), glicolipídios (0,006%) e ácidos graxos livres (0,1-0,4%) (Djordjevic *et al.*, 2019). Desses componentes lipídicos, o perfil de AG tem sido muito estudado para verificar seu papel na saúde humana (Djordjevic *et al.*, 2019; Samková *et al.*, 2012; Taormina *et al.*, 2020).

Os AG são moléculas simples, que apresentam um grupo carboxílico em uma extremidade e uma cadeia de hidrocarbonetos na outra. Essas moléculas são classificadas quanto ao comprimento da cadeia em AGCC (4 a 10 carbonos), AGCM (12 a 16 carbonos), e AGCL (mais de 18 carbonos); e, em relação ao grau de insaturação, são classificadas em AGS, sem presença de dupla ligação, ou AGI, com uma (AGM) ou mais (AGP) duplas ligações (Souza *et al.*, 1998).

Os AG presentes no leite de ruminantes são oriundos da circulação sanguínea (pré-formados), da dieta, da mobilização de gordura corporal ou também da síntese *de novo* na glândula mamária (Grummer, 1991). Os AGCL presentes no leite, em sua maioria, são captados quase que exclusivamente via circulação sanguínea, enquanto os AGCC e alguns AGCM são, em grande parte, sintetizados na glândula mamária (Bouwman *et al.*, 2011).

1.2.2.3 Ácidos graxos individuais e grupos

Até recentemente, recomendava-se reduzir o consumo de alimentos com alto teor de gordura saturada. O leite se encaixa nessa sugestão devido ao seu alto conteúdo de AGS, em torno de 70%, que têm sido associados a prejuízos à saúde humana (Knutsen *et al.*, 2022, Mansson, 2008 e Soyeurt *et al.*, 2006). No entanto, não são todos os AG presentes no grupo dos AGS que são prejudiciais à saúde e alguns deles são até mesmo considerados benéficos ou neutros. A gordura do leite possui uma maior concentração dos ácidos graxos palmítico (C16:0) e esteárico (C18:0), pertencentes ao grupo de AGS, mas apenas o C16:0 foi associado a doenças cardiovasculares e aumento do colesterol em humanos (Astrup; Geiker; Magkos, 2019; Meneses *et al.*, 2015; Zhang *et al.*, 2021). Os demais AG incluídos no grupo dos AGS são considerados benéficos à saúde, como os AGCC e alguns AGCM.

A gordura do leite de ruminantes é uma das principais fontes de alguns AGCC, ácidos graxos trans (AGT) e ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada (AGCIR) na dieta humana, e, mesmo que encontrados em pequenas quantidades no leite, ainda podem ser biologicamente relevantes, isolados ou dentro do contexto da matriz láctea (Kratz *et al.*, 2013).

Os AGCC, como o ácido butírico (C4:0), ácido caprílico (C8:0) e ácido cáprico (C10:0), são potencialmente benéficos à saúde humana e capazes de exercer atividades antimicrobianas e antivirais, além de atuarem na prevenção de doenças metabólicas (Blaak *et al.*, 2020; Bouter *et al.*, 2018; Claeys *et al.*, 2014; Coppola *et al.*, 2022; Kesztycka *et al.*, 2013). A suplementação com AGCM pode influenciar positivamente as características metabólicas e a cognição em humanos (Roopashree; Shetty; Kumari, 2021).

Os AGT presentes na gordura do leite bovino são derivados principalmente da biohidrogenação parcial de ácidos graxos no rúmen (Pipoyan *et al.*, 2021). Os principais AGT do leite são o ácido vacênico (C18:1 *trans*-11) e o ácido rumênico (C18:2 *cis*-9, *trans*-11), esse último é um isômero posicional e geométrico do ácido linoléico, nomeado de ácido linoléico conjugado (CLA, sigla do inglês *conjugated linoleic acid*) e é o mais abundante AGT na gordura láctea (Kesztycka *et al.*, 2013). O ácido vacênico, além de ser precursor do CLA na glândula mamária, é relacionado a efeitos anticancerígenos em humanos, assim como CLA, que, além desse efeito positivo, é capaz de reduzir o risco de doenças cardiovasculares, diabetes tipo 2,

artrite reumatóide, asma e doenças degenerativas (Gómes-Cortéz *et al.*, 2018; Lim *et al.*, 2014; Preble *et al.*, 2019).

Os AGCIR são componentes das membranas das bactérias ruminais (Fievez *et al.*, 2012). Na gordura do leite, há uma maior concentração de AG de cadeia ramificada *iso* e *anteiso*, cujo comprimento de cadeia varia de 14 a 17 carbonos (Corazzin, *et al.*, 2019; Unger, *et al.*, 2020). Esses AG também exercem diversos efeitos positivos sobre distúrbios metabólicos, como diabetes, doenças cardiovasculares e aterosclerose (Wongtangintharn *et al.*, 2004; Ressler *et al.*, 2011 e Yan *et al.*, 2018).

No grupo dos AGCL e AGI, o ácido oleico (C18:1 *cis*-9) é o principal e mais abundante AGCL encontrado na gordura do leite. Vários estudos indicam o efeito protetor desse AG contra o câncer (Carrillo; Cavia; Alonso-Torre, 2012; Giulitti *et al.*, 2021; keszycka *et al.*, 2013). Nesse mesmo grupo, os AG ω -3 (ômega-3) também se destacam pelos seus efeitos sobre a saúde humana, sendo capazes de agir na prevenção de doenças cardíacas e na melhoria da resposta imunológica, além de possuírem propriedades anti-cancerígenas e anti-aterogênicas (Coniglio *et al.*, 2023; Van Valenberg *et al.*, 2013). De acordo com Kumar *et al.* (2019), os ácidos graxos ω -3 são considerados anti-inflamatórios, enquanto os ácidos graxos ω -6 (ômega-6) são considerados pró-inflamatórios.

1.2.2.4 Índices de qualidade nutricional da gordura do leite

Determinar a qualidade nutricional da gordura do leite com base apenas em AG individuais é complexo. Diante disso, foram desenvolvidas fórmulas que agrupam AG específicos em índices, com base em sua função biológica na saúde humana, que podem auxiliar na avaliação da qualidade geral do perfil de ácidos graxos da gordura láctea (Lobos-Ortega *et al.*, 2022). De acordo com Chen e Liu (2020), esses índices devem ser utilizados e avaliados com cautela e não devem ser utilizados como “padrão-ouro”, pois, conforme as pesquisas avançam e o entendimento das funções biológicas dos AG aumenta, as fórmulas podem acrescentar ou retirar algum AG específico dos cálculos.

Os índices mais comuns são os índices aterogênico (IA) e trombogênico (IT), que foram desenvolvidos principalmente para avaliar os efeitos dos AG em doenças coronarianas (Chen e Liu, 2020). Esses índices agrupam AG com efeitos pro-aterogênicos e pro-trombogênicos, escolhidos com base em estudos científicos sobre

seu envolvimento nas doenças cardiovasculares em humanos. Sendo assim, o IA agrupa os AG considerados saturados hipercolesterolêmicos em relação aos insaturados, considerados protetores. Por sua vez, o IT agrupa os AG que têm a capacidade de provocar trombose. Nesses dois índices, pesos diferentes são atribuídos a cada AG de acordo com sua contribuição para reduzir ou aumentar o risco de doenças em humanos (Ghaeni; Ghahfarokhi, 2015; Plata-Reyes *et al.*, 2021; Ulbricht; Southgate, 1991). As seguintes fórmulas foram desenvolvidas por Ulbricht e Southgate (1991):

$$IA = \frac{C12:0 + (4 \times C14:0) + C16:0}{\sum AGM + \sum (\omega 6) + \sum (\omega 3)}$$

$$IT = \frac{C14:0 + C16:0 + C18:0}{((0,5 \times \sum AGM + 0,5 \times \sum (\omega 6) + 3 \times \sum (\omega 3) + (\frac{\sum \omega 3}{\omega 6}))}$$

A relação entre AG considerados hipocolesterolêmicos e AG hipercolesterolêmicos (HH) surge do conceito de avaliar os AG com base em seus efeitos funcionais sobre a saúde humana. A fórmula foi proposta por Santos-Silva *et al.* (2002) e modificada por Mierlită (2018), para incluir o AG C12:0 à fórmula original, como apresentada a seguir:

$$HH = \frac{C18:1 \text{ cis9} + \sum AGP}{C12:0 + C14:0 + C16:0}$$

A relação entre AG ω -6/ ω -3 também é utilizada para avaliar o perfil nutricional da gordura. Os AG presentes nesses dois grupos possuem funções biológicas antagônicas (Bilal *et al.*, 2014). De acordo com Benbrook *et al.* (2013), ácidos graxos ω -6 em excesso podem afetar negativamente o aproveitamento dos ácidos graxos ω -3, limitando sua ação biológica na redução do risco de doenças cardiovasculares, diabetes e obesidade.

Pode-se utilizar também dos índices de insaturação para avaliar a qualidade da gordura do leite. Os índices de insaturação são baseados na relação produto:substrato da enzima estearoil-CoA desaturase 1 (SCD1). A SCD1 é uma enzima que atua na glândula mamária e é capaz de inserir dupla ligação entre os carbonos 9 e 10 de AGS e de alguns AGI, com comprimento de cadeia de 10 a 18 carbonos (Mele *et al.*, 2007).

De acordo com revisão feita por Hanus *et al.* (2018), existem diversas formas para calcular os índices de insaturação, mas as relações produto:substrato mais exploradas são os pares C14:0/C14:1 cis-9, C16:0/C16:1 cis-9, C18:0/C18:1 cis-9,

C18:1 trans-11/C18:2 cis-9, trans-11. Há um consenso geral de que o índice C14:1 é o melhor indicador da atividade da SCD1 na glândula mamária, uma vez que a maior parte do C14:0 encontrado no leite é proveniente da síntese *de novo* na glândula mamária e, como resultado, todo o C14:1 será exclusivamente produto da ação da SCD1 (Pegolo *et al.*, 2016). Mele *et al.* (2007) desenvolveram um índice geral de insaturação, que engloba em uma única fórmula todos os AG utilizados nos índices de insaturação individuais:

$$IIT = 100 \times \frac{C14:1c9 + C16:1c9 + C18:1c9 + C18:2c9t11}{C14:1c9 + C16:1c9 + C18:1c9 + C18:c9t11 + C14:0 + C16:0 + C18:0 + C18:t11}$$

De forma geral, quanto menores forem os valores de IA, IT, ω -6/ ω -3, e maiores forem os índices HH e de insaturação (IIT), melhor será a qualidade da gordura do leite do ponto de vista nutricional (Samkova *et al.*, 2012). Valores menores de IA, IT e ω -6/ ω -3 refletem leite com baixo teor de AGS e AGI, que são AG considerados indesejáveis, bem como um maior valor dos índices HH e de insaturação, denotam um leite de melhor qualidade nutricional, pois indicam que há uma maior concentração de ácidos graxos benéficos à saúde humana.

1.2.3. Fatores que afetam o perfil de ácidos graxos da gordura do leite bovino

O perfil AG da gordura do leite bovino é influenciado por diversos fatores, tais como nutrição, raça, fase de lactação e ordem de parto, estado energético da vaca, dentre outros (Meklati *et al.*, 2017; Riuzzi *et al.*, 2021; Samková *et al.*, 2021; Singh *et al.*, 2018). A forma mais rápida de alterar o perfil de AG do leite é através da dieta. Diversos estudos comprovaram que vacas mantidas a pasto produzem um leite mais saudável, com menor concentração de AGS e maior concentração de AG benéficos à saúde humana (ácidos graxos insaturados-AGI e ácido linoléico conjugado-CLA) (Corazzin *et al.*, 2019; Samková *et al.*, 2021). A suplementação das vacas com fontes de AGCL também aumenta o valor biológico do leite, influenciando no maior conteúdo desses mesmos AG na gordura láctea (Plata-Pérez *et al.*, 2022; Rennó *et al.*, 2013).

O leite produzido no início da lactação apresenta proporções menores de AGS e maiores de AGM. O mesmo perfil pode ser observado quando se compara vacas primíparas com vacas multíparas. Sendo assim, o leite produzido no início da lactação e por vacas de primeira ordem de parto contém um teor elevado de AG bioativos mais

favoráveis ao consumo humano (Bainbridge, 2016; Rodríguez-Bermúdez *et al.*, 2023). No início da lactação, as vacas podem se encontrar em balanço energético negativo (BEN), pois nessa fase pode ocorrer um aumento da mobilização de gordura corporal para que mais AGCL, principalmente C18:0 e C18:1 *cis*-9, estejam disponíveis para serem incorporados à gordura do leite, regulando assim, a fluidez do leite (Chilliard *et al.*, 2000; Churakov *et al.*, 2021; Hanus *et al.*, 2018; Narayana *et al.*, 2017; Rodríguez-Bermúdez *et al.*, 2023; Osmari *et al.*, 2011).

O ácido graxo mais importante do ponto de vista quantitativo é o ácido palmítico (16:0), que representa aproximadamente 30% em peso do total de ácidos graxos. O ácido mirístico (14:0) e o ácido esteárico (18:0) constituem respectivamente 11 e 12% em peso (Mansson, 2008). Na tabela 1 encontra-se a variação na concentração dos principais AG encontrados na gordura do leite bovino.

Apesar da dieta ser um fator importante na variação do perfil de ácidos graxos, estudos revelam que vacas alimentadas com a mesma dieta apresentam variação na composição e perfil de ácidos graxos da gordura do leite (Soyeurt *et al.*, 2006; Gama *et al.*, 2013), sugerindo, por sua vez, a possibilidade da alteração do perfil de ácidos graxos pela seleção de animais superiores para essa característica (Soyeurt *et al.*, 2007; Freitas *et al.*, 2020). Estudos com a raça Jersey evidenciaram que esses animais são capazes de produzir leite com perfil de AG de melhor qualidade nutricional em comparação com a raça Holandesa (Bainbridge, 2016; Poulsen *et al.*, 2012; Soyeurt *et al.*, 2006). Manuelian *et al.* (2019) e Sharma *et al.* (2018), comparando raças selecionadas especificamente para produção de leite com raças selecionadas para duplo propósito, ou seja, produção de leite e carne, observaram que as vacas de duplo propósito tendem a produzir um leite mais saudável, com maiores concentrações de AGM, AGCL, C18:0 e C18:1 *cis*-9. Para as raças zebuínas, Acosta-Balcazar *et al.* (2022) relataram que vacas Gir produzem leite com maiores concentrações de C12:0 e C14:0 quando comparadas com seus mestiços.

Tabela 1 - Concentração dos principais ácidos graxos encontrados em maior proporção na gordura do leite bovino e CLA de diversas raças de acordo com a literatura

Ácido graxo	Concentração (g/100 g de AG totais)
C14:0	9,13-12,08
C16:0	28,59 - 31,59
C18:0	6,81 - 9,78
C18:1 <i>cis</i> -9	17,0081- 22,652
CLA	0,65 - 1,25

Fonte: Acosta-Balcazar *et al.* (2022; Gir); Matosinho *et al.* (2023; Gir); Pegolo *et al.* (2016; Pardo Suíça); Silva *et al.* (2023; Girolando)

1.2.4. Parâmetros genéticos do perfil de ácidos graxos do leite bovino

1.2.4.1. Herdabilidade

Os principais AG estudados com foco em um perfil nutricional desejado apresentaram herdabilidade de moderada a alta. No entanto, existe uma grande variação nas estimativas das herdabilidades encontradas, recomendando cautela ao se comparar os resultados dos diversos estudos. As variações observadas nas estimativas de herdabilidade podem ser atribuídas a diferenças na condução de cada estudo, à estrutura do banco de dados, à raça utilizada, aos métodos usados para obter os fenótipos e à forma de expressar a concentração dos AG (g/100 g de leite, g/100 de gordura, g/100 g de AG), dentre outros fatores que interferem diretamente na estimativa de parâmetros genéticos (Freitas *et al.*, 2020). Em revisão feita por Samková *et al.* (2012), as herdabilidades obtidas para os ácidos graxos, expressos em g/100 g de gordura, apresentaram valores maiores do que as herdabilidades de ácidos graxos expressos em g/100 g de leite.

Na tabela 2 e no apêndice A, são apresentados os valores estimados para a herdabilidade de alguns dos principais AG individuais de importância para a saúde humana, obtidos em vários estudos. Os estudos selecionados para compor essa tabela utilizaram diferentes formas para expressar as concentrações dos AG, o que resultou na grande variabilidade nas estimativas de herdabilidade encontradas. No

estudo conduzido por Bilal *et al.* (2014), as estimativas de herdabilidade do CLA e dos ácidos graxos ω -3 foram baixas, indicando que a variação entre as vacas se deve principalmente a diferenças ambientais.

Tabela 2- Herdabilidades e repetibilidades estimadas para os principais e potenciais ácidos graxos relacionados à saúde humana

Ácido graxo	Herdabilidade ¹
Butírico (C4:0)	0,01 a 0,32
Láurico (C12:0)	0,31 a 0,64
Mirístico (C14:0)	0,07 a 0,62
Palmítico (C16:0)	0,001 a 0,43
Esteárico (C18:0)	0,08 a 0,24
Oleico (C18:1 cis-9)	0,07 a 0,28
Linoleico (C18:2)	0,15 a 0,27
CLA (C18:2 cis9, trans-11)	0,07 a 0,44
α -Linolênico (α -C18:3)	0,05 a 0,09
EPA (C20:5)	0,04
ω -3	0,38
ω -6	0,39

¹Fonte: Bobe *et al.* (2008); Stoop *et al.* (2008); Mele *et al.* (2009); Garnsworthy *et al.* (2010); Bilal *et al.* (2014); Petrini *et al.* (2016); Hein *et al.* (2018); Bobbo *et al.* (2020); Hossein-Zadeh (2021).

A forma como os AG são sintetizados e inseridos na gordura do leite pode indicar uma maior ou menor herdabilidade estimada para o AG. AG individuais, sintetizados *de novo* na glândula mamária, apresentam herdabilidades superiores aos AG pré-formados (Bilal *et al.*, 2014; Bobbo *et al.*, 2020; Bobe *et al.*, 2008; Hossein-Zadeh 2021; Paiva *et al.*, 2022a), indicando que estão sob maior controle genético do que os ácidos graxos pré-formados.

Para os grupos de ácidos graxos, há um consenso de que o grupo de AGS apresentam estimativas de herdabilidade superiores às do grupo de AGI. Uma possível explicação seria que a maioria dos AG individuais que compõem o grupo dos AGS são AG provenientes da síntese *de novo* na glândula mamária (Chilliard *et al.*, 2000). Apesar da maioria dos ácidos graxos de cadeia longa presentes na gordura do leite serem pré-formados, a estimativa de herdabilidade para esses AG não é 0, isso

indica que os processos que envolvem a incorporação desses AG na gordura do leite estão de certa forma sob controle genético (Bastin; Gengler; Soyeurt, 2011). De acordo com Fleming *et al.* (2018), os AGCC e AGCM sintetizados *de novo* na glândula mamária tendem a apresentar estimativas de herdabilidade superiores aos AGCL, ou seja, as estimativas de herdabilidade tendem a diminuir com o aumento do comprimento de cadeia do AG (Bastin *et al.*, 2011). As herdabilidades mais baixas dos AGCL e índices de insaturação refletem a dimensão dos efeitos ambientais sobre essas características (Pegolo *et al.*, 2016).

De maneira geral, os principais AG presentes na gordura do leite bovino, apresentam estimativas de herdabilidade próximas ou superiores às estimativas de herdabilidade das características de produção de leite que são incluídas nos programas de melhoramento, sendo assim, a seleção genética pode ser eficaz para modificar o perfil de AG de interesse à saúde humana, resultando na produção de um leite mais saudável para o consumo humano (Bilal *et al.*, 2014). De acordo com Bobbo, Penada e Cassandro (2020), seria importante explorar a viabilidade de incluir ácidos graxos em programas de melhoramento com o objetivo de modificar o perfil de AG focado em um leite mais saudável do ponto de vista nutricional.

1.2.4.2. Correlação genética

A correlação genética entre os AG da gordura do leite de vacas indica o quanto os fatores genéticos afetam a presença e as proporções dos diferentes AG presentes na gordura do leite. Esses AG são essenciais tanto para a saúde dos consumidores quanto para a qualidade dos produtos lácteos.

Ao que tudo indica, os AG apresentam correlação positiva com o percentual de gordura, assim como demonstrado por Bobbo Penada e Cassandro (2020), que observaram correlações genéticas variando de 0,76 a 0,94. Em trabalhos anteriores, Soyeurt *et al.* (2007) observaram que, quando expresso em g/100 g de leite, os ácidos graxos apresentaram correlações genéticas negativas com a produção de leite e positivas com o teor de gordura e, quando foram obtidos em g/100 g de gordura o C18:1 e C16:0 apresentaram correlação genética positiva com a produção de leite e, os AG C12:0, C16:0, C18:0, correlação positiva com o teor de gordura. Dessa forma, pode-se considerar que a seleção para um maior volume de leite afetaria em maior ou menor intensidade o perfil de ácidos graxos do leite.

De acordo com Stoop *et al.* (2008), o ácido butírico (C4:0) apresenta correlação genética negativa com a maioria dos AG, varia de -0,05 a -0,62, isso ocorre pelo fato de que o C4:0 é precursor para a síntese da maioria dos ácidos graxos de AGCC e de AGCM, gerando assim uma correlação negativa entre ele e os demais AG. Estudos conduzidos por Bilal *et al.* (2014) e Bobbo *et al.* (2020) demonstraram que AG que tem sua origem na síntese *de novo* na glândula mamária apresentam correlações genéticas fortes e positivas entre eles (por exemplo: C12:0 e C14:0= 0,74), o mesmo foi observado para os AG pré-formados C16:0 e C18:0= 0,79, indicando que a origem do AG influencia a direção e magnitude das correlações genéticas. No entanto, ácidos graxos de origem mista (síntese *de novo* e pré-formados) apresentam correlações genéticas negativas, como por exemplo C14:0 e C16:0= -0,42.

Todos os trabalhos consultados evidenciaram a importância de estimar as correlações genéticas entre os ácidos graxos presentes na gordura do leite com as principais características de produção, dando ênfase à produção de leite, produção e teor de gordura, assim como a correlação entre os AG, para auxiliar na construção de um índice de seleção que leve em conta apenas alguns AG principais.

1.2.5. Genes envolvidos no metabolismo de ácidos graxos na glândula mamária bovina

A detecção de genes associados à composição da gordura do leite pode fornecer entendimento valioso sobre as complexas redes de genes subjacentes à variação na síntese de ácidos graxos e apontar para oportunidades de mudança na composição da gordura do leite por meio de reprodução seletiva (Li *et al.*, 2014).

O perfil de ácidos graxos da gordura do leite bovino é um fenótipo complexo que é fortemente influenciado por múltiplos genes. Esses genes regulam processos desde a síntese *de novo*, alongação, desaturação, até o armazenamento e secreção de lipídios na glândula mamária (Bionaz; Loor, 2008). Em estudo conduzido por Li *et al.* (2014) e em revisão de literatura feita por Mu *et al.* (2021), foram apresentados alguns genes-chaves atuantes no metabolismo de ácidos graxos na glândula mamária, como: o membro 2 da família de cadeia curta da acil-CoA sintetaseA (CSS2), ácido graxo sintase (FASN), acetil-CoA carboxilase alfa (ACC α), translocador de ácido graxo (CD36), acil-CoA sintetase de cadeia longa (ACSL), proteína de transporte de ácidos graxos 27^a (SLC27A), proteína de ligação de ácido graxo-3 (FABP3), estearoil-CoA dessaturase-1 (SCD1), acilglicerol fosfato aciltransferase

(AGPAT), diacilglicerol diacetiltransferase-1 (DGAT1), Butirofilina - subfamília1 - membro A1 (BTN1A1), fator de transcrição de ligação ao elemento regulador de esterol 1 (SREBF1), e receptor gama ativado por proliferador de peroxissoma, coativador 1 alfa (PPARGC1A).

Dentre essa gama de genes, os efeitos dos genes DGAT1, SCD1 e FASN no perfil de ácidos graxos da gordura do leite já estão bem descritos na literatura (Bouwman *et al.*, 2011; Carvajal *et al.*, 2016; Inostroza *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2016; Li *et al.*, 2020; Palombo *et al.*, 2018; Schennink *et al.*, 2007 e 2008;).

1.2.5.1 Gene estearoil-Coenzima A desaturase-1 e o perfil de ácidos graxos do leite bovino

O perfil de AG do leite bovino é influenciado por diversos genes que codificam enzimas-chave do metabolismo lipídico na glândula mamária, sendo um deles o gene da estearoil-CoA dessaturase 1 (SCD1). Esse gene está associado a uma proporção significativa de variação na composição de ácidos graxos na gordura do leite e índices de insaturação. O gene da SCD1 é responsável por codificar uma enzima capaz de adicionar uma dupla ligação entre os carbonos 9 e 10 em AG de cadeia média e longa (Mele *et al.*, 2007). De acordo com Pegolo *et al.* (2013), a enzima SCD1 desempenha papel fundamental na determinação dos teores de AGM no leite e na síntese de CLA.

O gene da SCD1 está localizado no cromossomo 26 em bovinos e é expresso em uma variedade de tecidos, inclusive na glândula mamária (Chung *et al.*, 2000), possui 17 kb de comprimento, seis éxons e cinco íntrons (Barton *et al.*, 2010; Silva, *et al.*, 2017). Um SNP não-sinônimo (rs41255693), localizado na segunda base do códon 293 (A293V, C>T) do éxon 5 na sequência gênica da SCD1, leva a uma substituição de aminoácidos, de valina pela alanina, na síntese desta proteína (Houga *et al.*, 2018), sendo esta variante a mais estudada entre as relacionadas ao perfil de ácidos graxos. No entanto, a mudança da terceira base detectada nesse mesmo códon (SNP rs208932125), apesar de não alterar o aminoácido que será incluído na proteína (mutação sinônima), também está relacionada à variação no perfil de AG. Nesse segundo SNP, relatado no éxon 5, ocorre uma substituição de G>A. De acordo com Matosinho *et al.* (2023), os possíveis efeitos funcionais do rs208932125 são: abolição dos intensificadores de *splicing* exônico e também afeta um silenciador de *splicing* exônico (ESS-*Sironi Motifs*, ESS-Faz e ESS-hnRNPA1).

Em estudos conduzidos com animais taurinos, foi observado que o alelo C do SNP rs41255693 do gene da SCD1 está associado a maior conteúdo de AGM e maior valor no índice C14:1. Assim, vacas com genótipo CC produzem um leite de melhor qualidade nutricional quando comparado com o leite de vacas de genótipo TT, pois esse leite possui maior proporção de AGM e C18:1 *cis*-9 (Houga *et al.* 2018; Mele *et al.*, 2007). Em estudo anterior, Freitas *et al.* (2013) observaram variação no gene da SCD1 para as raças Gir e Guzerá, sugerindo que esses polimorfismos podem ser utilizados como marcadores genéticos para a seleção em raças zebuínas com aptidão leiteira. Em vacas Gir, Matosinho *et al.* (2023) observaram que todas as vacas analisadas foram homozigotas para o SNP rs41255693 (CC). Ainda assim, foi observada uma variação no perfil de AG do leite desses animais, que, segundo os autores, pode ser explicada por variação em outro SNP encontrado no éxon 5 (SNP rs208932125; A>G), uma vez que vacas com genótipo AA produziram leite com menores proporções de C12:0 e ácidos graxos saturados de cadeia curta, e maior conteúdo de CLA do que vacas portadoras do genótipo GG.

1.3. OBJETIVOS DA TESE

1.3.1. Objetivo Geral

Caracterizar fenotípica e geneticamente o perfil de ácidos graxos, os índices de qualidade nutricional da gordura do leite e os índices de insaturação do leite de vacas Gir e Guzerá, com vistas à seleção para melhoria da composição e da qualidade do leite dessas raças com foco na saúde humana.

1.3.2. Objetivos Específicos

- (1) Estimar parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) para os ácidos graxos individuais, grupos de ácidos graxos e índices de insaturação (relação produto:substrato da enzima SCD1) do leite de animais das raças Gir e Guzerá, utilizando modelos convencionais multicaracterística, e produção de leite e gordura como características âncoras via abordagem Bayesiana;
- (2) Detectar polimorfismos no gene da SCD1 na raça Guzerá;
- (3) Realizar estudo de associação do gene da SCD1 com o perfil de ácidos graxos do leite de vacas Guzerá.

REFERÊNCIAS

ABCZ. **Raças zebuínas**. Disponível em: <https://www.abcz.org.br/a-abcz/racas-zebuinas>. Acesso em: 23 jan. 2023

ACOSTA-BALCAZAR, I. C. *et al.* Effect of genotype, lactation and climatic factors on fatty acid profile of bovine milk. **Czech Journal of Animal Science**, v. 67, n. 5, p. 167-175, 2022. DOI 10.17221/32/2022-CJAS. Disponível em: <https://www.cabidigitalibrary.org/doi/pdf/10.5555/20220244759>. Acesso em: 20 jan. 2023.

AKHGAR, C. K. *et al.* Fatty acid prediction in bovine milk attenuated total reflection infrared spectroscopy after solvent-free lipid separation. **Foods**, v. 10, n. 5, 2021. DOI 10.3390/foods10051054. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8151219/>. Acesso em: 23 jan. 2023.

ASTRUP, A.; GEIKER, N. R. W.; MAGKOS, F. Effects of full-fat and fermented dairy products on cardiometabolic disease: food is more than the sum of its parts. **Advances in Nutrition**, v. 10, n. 5, 2019. DOI 10.1093/advances/nmz069. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31518411/>. Acesso em: 23 jan. 2023.

BARTON, L. *et al.* The polymorphisms of stearoyl-CoA desaturase (SCD1) and sterol regulatory element binding protein-1 (SREBP-1) genes and their association with the fatty acid profile of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. **Meat Science**, v. 85, n. 1, p. 15-20, 2010. DOI 10.1016/j.meatsci.2009.11.016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20374858/>. Acesso em: 10 fev. 2023.

BASTIN, C.; GENGLER N.; SOYEURT H. Phenotypic and genetic variability of production traits and milk fatty acid contents across days in milk for Walloon Holstein first-parity cows. **Journal of Dairy Science**, v. 94, p. 4152–4163, 2011. DOI 10.3168/jds.2010-4108. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030211004188>. Acesso em: 15 jan. 2023.

BENBROOK, C. M. *et al.* Organic production enhances milk nutritional quality by shifting fatty acid composition: a United States-wide, 18-month study. **PLOS ONE**, v. 8, n. e82429, 2013. DOI 10.1371/journal.pone.0082429. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24349282/>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BILAL, G. *et al.* Short communication: Genetic parameters of individual fatty acids in milk of Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 2, p. 1150-1156, 2014. DOI 10.3168/jds.2012-6508. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030213008011>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BIONAZ, M.; LOOR, J. Gene networks driving bovine milk fat synthesis during the lactation cycle. **BCM Genomics**, v. 9, n. 366, 2008. DOI 10.1186/1471-2164-9-366. Disponível em: <https://bmccgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2164-9-366#citeas>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BLAAK, E. E. *et al.* Short chain fatty acids in human gut and metabolic health. **Benef Microbes**, v. 11, n. 5, p. 411–455, 2020. DOI 10.3920/BM2020.0057. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32865024/>. Acesso em: 02 mar. 2023.

BOBBO, T.; PENASA, M.; CASSANDRO, M. Genetic parameters of bovine milk fatty acid profile, yield, composition, total and differential somatic cell count. **Animals**, v. 10, n. 12, 2020. DOI 10.3390/ani10122406. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7765606/>. Acesso em: 02 mar. 2023.

BOBE G. *et al.* Short Communication: Estimates of genetic variation of milk fatty acids in US Holstein Cows. **Journal Dairy of Science**, v. 91, n. 3, p. 1209-1213, 2008. DOI 10.3168/jds.2007-0252. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203020871378X>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BOUTER, K. E. C. *et al.* Differential metabolic effects of oral butyrate treatment in lean versus metabolic syndrome subjects. **Clinical and Translational Gastroenterology**, v. 9, n. 5, 2018. DOI 10.1038/s41424-018-0025-4. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29799027/>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BOUWMAN, A. C. *et al.* Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. **BCM Genetics**, v. 12, n. 43, 2011. DOI 10.1186/1471-2156-12-43. Disponível em: <https://bmcbgenomdata.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2156-12-43#citeas>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BRUNELI, F. A. T. *et al.* **Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite: resultados do Teste de Progenie, do Arquivo Zootécnico Nacional e do Núcleo de Ovulação Múltipla e Transferência de Embriões**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2023. 119 p. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1154272>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CARRARA, E R. *et al.* Genetic study of quantitative traits supports the use of Guzerá as dual-purpose cattle. **Animal Bioscience**, v. 35, n. 7, p. 955-963, 2022. DOI 10.5713/ab.21.0458. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9271375/>. Acesso em: 15 mar. 2023.

CARRILLO, C. *et al.* Antitumor effect of oleic acid; mecanismo of action. A review. **Nutrición Hospitalaria**, v. 27, n. 5, p. 1860-1865, 2012. DOI 10.3305/nh.2012.27.6.6010. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23588432/>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CARVAJAL, A. M. *et al.* Milk fatty acid profile is modulated by *DGAT1* and *SCD1* genotypes in dairy cattle on pasture and strategic supplementation. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, 2016. DOI 10.4238/gmr.15027057. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27173340/>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CHEN, J.; LIU, H. Nutritional indices for assessing fatty acids: a mini-review. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 16, 2020. DOI

10.3390/ijms21165695. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32784511/>. Acesso em: 10 mar. 2023.

CHILLIARD, Y. *et al.* Ruminant milk fat plasticity: Nutritional control of saturated, polyunsaturated, trans and conjugated fatty acids. **Annales de Zootechnie**, v. 49, p. 181-205, 2000. DOI 10.1051/animres:2000117.

CHURAKOV, M. *et al.* Milk fatty acids as indicators of negative energy balance of dairy cows in early lactation. **Animal**, v. 15, n. 7, 2021. DOI 10.1016/j.animal.2021.100253. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731121000951>. Acesso em: 23 mar. 2023.

CLAEYS, W. L. *et al.* Consumption of raw or heated milk from different species: An evaluation of the nutritional and potential health benefits. **Food Control**, v. 42, p. 188–201, 2014. DOI 10.1016/j.foodcont.2014.01.045. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0956713514000607>. Acesso em: 23 mar. 2023.

CONIGLIO, S.; SHUMSKAYA, M.; VASSILIOU, E. Unsaturated fatty acids and their immunomodulatory properties. **Biology**, v. 12, n. 279, 2023. DOI 10.3390/biology12020279. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2079-7737/12/2/279>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CORAZZIN M. *et al.* Fatty acid profiles of cow's milk and cheese as affected by mountain pasture type and concentrate supplementation. **Animals**, v. 9, n. 2, 2019. DOI 10.3390/ani9020068. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6406273/#:~:text=In%20milk%2C%20the%20highest%20concentrate,these%20differences%20were%20markedly%20reduced>. Acesso em: 20 mar. 2023.

DJORDJEVIC, J. *et al.* Fatty acid profile of milk. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, n. 333, 2019. DOI 10.1088/1755-1315/333/1/012057. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/333/1/012057/pdf#:~:text=Cow%20milk%20fat%20contains%20on,C10%3A0%2C%20respectively>). Acesso em: 20 mar. 2023.

FERNANDES, A. R. *et al.* Genetic Evolution of milk yield, udder morphology and behavior in Gir dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 48, n. e20180056, 2019. DOI 10.1590/rbz4820180056. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/PJH8YkgM76xYfVm9jqMSfxb/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FERREIRA, J. L. *et al.* Genetic variability of Guzerat cattle raised in Northern Brazil, based on pedigree analysis. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 74, n. 5, p. 901-912, 2022. DOI <https://doi.org/10.1590/1678-4162-12721>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/cZttwKC44LcFTTK4kr53cwG/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FLEMING, A. *et al.* Genetic correlations of mid-infrared-predicted milk fatty acid groups with milk production traits. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 5, 2018. DOI 10.3168/jds.2017-14089. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203021830167X>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FREITAS, P. H. F. *et al.* Short communication: Time-dependent genetic parameters and single-step genome-wide association analyses for predicted milk fatty acid composition in Ayrshire and Jersey dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 6, 2020. DOI 10.3168/jds.2019-17820. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32307163/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FREITAS, A. C. *et al.* Caracterização do gene Stearoil-CoA desaturase nas raças Gir e Guzerá. *In*: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. **Anais**. Uberaba, MG: SBMA. 2013. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/976736>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GAMA, M. A. S. *et al.* Variação individual nas relações produto:substrato da enzima estearoil-CoA desaturase (SCD) e nos teores dos ácidos rumênico (CLA *cis*-9 *trans*-11) e oleico no leite de vacas Gir e Guzerá. *In*: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. Uberaba, MG: SBMA. **Anais**. 2013. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/976736>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GARNSWORTHY, P. C. *et al.* Short communication: Heritability of milk fatty acid composition and stearoyl-CoA desaturase indices in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 4, 2010. DOI 10.3168/jds.2009-2695. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210001499>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GIULITTI, F. *et al.* Anti-tumor effect of oleic acid in hepatocellular carcinoma cell lines via autophagy reduction. **Frontiers in Cell and Developmental Biology**, v. 9, n. 629182, 2021. DOI 10.3389/fcell.2021.629182. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33614661/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GÓMEZ-CORTÉS, P. *et al.* Milk fatty acids and potential health benefits: an updated vision. **Trend in Food Science & Technology**, v. 81, 2018. DOI 10.1016/j.tifs.2018.08.014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0924224418303431>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GRUMMER, R. R. Effect of feed on the composition of milk fat. **Journal of Dairy Science**, v. 74, p. 3244–3257, 1991. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(91)78510-X. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203029178510X#:~:text=Feeding%20low%20roughage%20diets%20increases,rich%20in%20C16%3A0>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HEIN, L. *et al.* Genetic analysis of predicted fatty acid profiles of milk from Danish Holstein and Danish Jersey cattle populations. **Journal of Dairy Science**, v. 101, p. 2148–2157, 2018. DOI 10.3168/jds.2017-13225. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217311463>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HORTOLANI B. *et al.* Genetic parameters for body weight and milk production of dairy Gyr herds. **Tropical Animal Health and Production**, v. 54, n. 84, 2022. DOI 10.1007/s11250-022-03088-9. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-022-03088-9>. Acesso em: 20 mar. 2023.

INOSTROZA, K. B. *et al.* Stearoyl CoA desaturase and fatty acid synthase gene polymorphisms and milk fatty acid composition in Chilean Black Friesian cows. **Revista Comlombiana de Ciencias Pecuarias**, v. 26, p. 263-269. 2013. Disponível em: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0120-06902013000400004&lng=e&nrm=iso&tlng=en. Acesso em: 20 mar. 2023.

KNUTSEN, T. M. *et al.* Genetic variants associated with two major bovine milk fatty acids offer opportunities to breed for altered milk fat composition. **Genetics Selection Evolution**, v. 54, n. 35, 2022. DOI 10.1186/s12711-022-00731-9. Disponível em: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-022-00731-9>. Acesso em: 20 mar. 2023.

KRATZ, M.; BAARS, T.; GUYENET, S. The relationship between high-fat dairy consumption and obesity, cardiovascular, and metabolic disease. **European Journal of Nutrition**, v. 52, p. 1–24, 2013. DOI 10.1007/s00394-012-0418-1. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22810464/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LI, C. *et al.* Genetic effects of FASN, PRARGC1A, ABCG2, and IGF1 revealing the association with milk fatty acids in a Chinese Holstein cattle population based on a post genome-wide association study. **BCM Genetics**, v. 17, 2016. DOI 10.1186/s12863-016-0418-x. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27468856/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LI, C. *et al.* Genome Wide Association Study identifies 20 novel promising genes associated with milk fatty acids traits in Chinese Holstein. **Plos One**, v. 9, n. 5, 2014. DOI 10.1371/journal.pone.0096186. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0096186>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LI, Y. *et al.* Variation in the stearoyl-CoA desaturase gene (SCD) and its influence on milk fatty acid composition in late-lactation dairy cattle grazed on pasture. **Archives Animal Breeding**, v. 63, n. 2, p. 355-366, 2020. DOI 10.5194/aab-63-355-2020. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33178884/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LOBOS-ORTEGA, I. *et al.* Determination of nutritional health indexes of fresh bovine milk using near infrared spectroscopy. **Grasas y Aceites**, v. 73, n. 2, 2022. DOI 10.3989/gya.0450211. Disponível em: <file:///C:/Users/alvim/Downloads/1933->

Article%20Text%20in%20Microsoft%20Word%20or%20LibreOffice%20file%20(needed)-6770-1-10-20220613.pdf. Acesso em: 20 mar. 2023.

MADALENA, F. E., PEIXOTO, M. G. C. D., E GIBSON, J. Dairy cattle genetics and its applications in Brazil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 24, n. 6, 1-49, 2012.

MANSSON, H. L. 2008. Fatty acids in bovine milk fat. **Food & Nutrition Research**, 52, 2008. DOI 10.3402/fnr.v52i0.1821. Disponível em : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2596709/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MANUELIAN, C.L. *et al.* Multi-breed herd approach to detect breed differences in composition and fatty acid profile of cow milk. **Czech Journal of Animal Science**, v. 64, p. 11–16, 2019. DOI 10.17221/18/2018-CJAS. Disponível em: https://cjas.agriculturejournals.cz/artkey/cjs-201901-0002_multi-breed-herd-approach-to-detect-breed-differences-in-composition-and-fatty-acid-profile-of-cow-milk.php. Acesso em: 20 mar. 2023.

MARKIEWICZ-KESZYCKA, M. *et al.* Fatty acid profile of milk – A review. **Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy**, v. 57, p. 135-139, 2013. DOI 10.2478/bvip-2013-0026. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/259495733_Fatty_Acid_Profile_of_Milk_-_A_Review. Acesso em: 20 mar. 2023.

MATOSINHO, C. G.R. *et al.* Phenotypic variation in milk fatty acid composition and its association with stearoyl-CoA desaturase 1 (SCD1) gene polymorphisms in Gir cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 40, n. 5, p. 532-548, 2023. DOI 10.1111/jbg.12777. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jbg.12777>. Acesso em: 20 mar. 2024.

MELE, M. *et al.* Stearoyl-coenzyme A desaturase gene polymorphism and milk fatty acid composition in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p. 4458–4465, 2007. DOI 10.3168/jds.2006-617. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030207719082>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MIERLITĂ, D. Effects of diets containing hemp seeds or hemp cake on fatty acid composition and oxidative stability of sheep milk. **South African Journal of Animal Science**, v. 48, p. 504–515, 2018. DOI 10.4314/sajas.v48i3.11. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/172390>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MU, T. *et al.* Regulation of key genes for milk fat synthesis in ruminants. **Frontiers in Nutrition**, n. 8, 2021. DOI 10.3389/fnut.2021.765147. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/nutrition/articles/10.3389/fnut.2021.765147/full>. Acesso em: 10 jan. 2023.

NARAYANA, S.G. *et al.* Genetic analysis of groups of mid-infrared predicted fatty acids in milk. **Journal of Dairy Science**, v. 100, p. 4731–4744, 2017. DOI 10.3168/jds.2016-12244. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28342614/>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PALOMBO, V. *et al.* Genome-wide association study of milk fatty acid composition in Italian Simmental and Italian Holstein cows using single nucleotide polymorphism arrays. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 12, 2018. DOI 10.3168/jds.2018-14413. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30243637/>. Acesso em: 15 fev. 2023.

PANETTO, J. C.C. *et al.* Providing genetics for the dairy industry in the tropics – the Brazilian Dairy Gir Breeding Program. *In: Word Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Rotterdam, The Netherlands, 3-8 july 2022. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1150078/1/Providing-genetics-for-the-dairy-industry-in-the-tropics-the-Brazilian-Daury-Gir.pdf>. Acesso em: 15 fev. 2023.

PEGOLO, S. *et al.* Genetic and environmental relationships of detailed milk fatty acids profile determined by gas chromatography in Brown Swiss cows. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 2, p. 1315-1330, 2016. DOI 10.3168/jds.2015-9596. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26709183/>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PEIXOTO, M. G. C. D. *et al.* Genetic diversity and population genetic structure of the Guzerá (*Bos indicus*) meta-population. **Animals**, v.11, n. 14, p. 1125, 2021. DOI 10.3390/ani11041125. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/225142/1/Genetic-diversity.pdf>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PEIXOTO, M. G. D. *et al.* Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, v. 131, n. 2-3, p. 168-174, 2010. DOI 10.1016/j.livsci.2010.03.015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S187114131000123X>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PEIXOTO, M. G. C. D. *et al.* The contribution of a MOET nucleus scheme for the improvement of Guzerá (*Bos indicus*) cattle for milk traits in Brazil. **Frontiers in Genetics**, v. 13, n. 982858, 2022. DOI 10.3389/fgene.2022.982858. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1148200/1/The-contribution-of-a-MOET-nucleus-scheme-for-the-improvement-of-Guzera.pdf>. Acesso em: 08 abr. 2023.

PENNA, V. M. *et al.* **Situação atual e potencialidades da raça Guzerá na pecuária leiteira nacional**. 2005. Disponível em: <https://cbmguzera.com.br/artigostecnicos/artigostecnicospdf/Situa%C3%A7%C3%A3o%20atual%20e%20peculiaridades%20da%20ra%C3%A7a%20Guzer%C3%A1%20na%20pecu%C3%A1ria%20leiteira%20nacional.pdf>. Acesso em: 27 dez. 2023.

PLATA-PÉREZ, G. *et al.* Oilseed supplementation improves milk composition and fatty acid profile of cow milk: a meta-analysis and meta-regression. **Animals**, 12(13):1642, 2022. DOI 10.3390/ani12131642. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/12/13/1642>. Acesso em: 08 abr. 2023.

PLATA-REYES, D.A. *et al.* Kikuyu grass in winter–spring time in small-scale dairy systems in the highlands of central Mexico in terms of cow performance and fatty acid profile of milk. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 225, 2021. DOI 10.1007/s11250-021-02672-9. Disponível em: <https://pub-med.ncbi.nlm.nih.gov/33760981/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

POULSEN, N. A. *et al.* The influence of feed and herd on fatty acid composition in 3 dairy breeds (Danish Holstein, Danish Jersey, and Swedish Red). **Journal of Dairy Science**, v. 95, p. 6362-6371, 2012. DOI 10.3168/jds.2012-5820. Acesso em: 23 fev. 2023.

RAN-RESSLER, R. R. *et al.* Branched chain fatty acid content of United States Retail cow's milk and implications for dietary intake. **Lipids**, v. 46, p. 569-576, 2011. DOI 10.1007/s11745-011-3530-8. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3107348/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

RENNÓ, F.P. *et al.* Fatty acid profile and composition of milk protein fraction in dairy cows fed long-chain unsaturated fatty acids during the transition period. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 11, p. 813-823, 2013. DOI 10.1590/S1516-35982013001100008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/cZKWns3XXkhV8SJD6NMqmZd/?lang=en>. Acesso em: 23 fev. 2024.

RODRÍGUEZ-BERMÚDEZ, R. F. *et al.* Factors affecting fatty acids composition of Holstein cow's milk. **Animals**, v. 13, n. 4, 2023. DOI 10.3390/ani13040574. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36830361/>. Acesso em: 23 fev. 2024.

ROOPASHREE, P. G., SHETTY, S. S. E KUMARI, N. S. Effect of medium chain fatty acid in human health and disease. **Journal of Functional Foods**, v. 87, n. 104724, 2021. DOI 10.1016/j.jff.2021.104724. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S175646462100373X#:~:text=Medium%2Dchain%20fatty%20acids%20also,the%20glucose%20and%20lipid%20metabolism>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SAMKOVÁ, E. *et al.* Associations among farm, breed, lactation stage and parity, gene polymorphisms and the fatty acid profile of milk from Holstein, Simmental and Their Crosses. **Animals**, v. 11, n. 3284, 2021. DOI 10.3390/ani11113284. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/11/11/3284>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SAMKOVÁ, E. *et al.* Comparison of fatty acid proportions determined by mid-infrared spectroscopy and gas chromatography in bulk and individual milk samples. **Animals**, v. 10, n. 6, p. 1095, 2020. DOI 10.3390/ani10061095. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7341201/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SAMKOVA, E. *et al.* Animal factors affecting fatty acid composition of cow milk fat: A review. **South African Journal Animal Science**, v. 42, p.83–100, 2012. Disponível em: https://www.scielo.org.za/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-15892012000200001. Acesso em: 23 fev. 2023.

SANTANA JÚNIOR, M. L. *et al.* History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, v. 163, p. 26-33, 2014. DOI 10.1016/j.livsci.2014.02.007. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141314000948>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SANTOS, D. J. A. *et al.* Genetic parameters for test-day milk yield, 305-day milk yield, and lactation length in Guzerat cows. **Livestock Science**, v. 152, n. 2-3, p. 114-119, 2013. DOI 10.1016/j.livsci.2012.12.012. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1871141312004829>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SANTOS-SILVA, J.; MENDES, I.A.; BESSA, R.J.B. The effect of genotype, feeding system and slaughter weight on the quality of light lambs—1. Growth, carcass composition and meat quality. **Livestock Production Science**, v. 76, n. 17–25, 2002. DOI 10.1016/S0301-6226(01)00334-7. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0301622601003347>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SCHENNINK, A. *et al.* DGAT1 underlies large genetic variation in milk-fat composition of dairy cows. **Animal Genetics**, v. 38, p.467–473, 2007. DOI 10.1111/j.1365-2052.2007.01635.x. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17894561/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SCHENNINK, A. *et al.* Milk fatty acid unsaturation: genetic parameters and effects of Stearoyl-CoA Desaturase (SCD) and Acyl CoA: Diacylglycerol Acyltransferase 1 (DGAT1). **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 2135-2143, 2008. DOI 10.3168/jds.2007-0825. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18420645/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SILVA, B. C. *et al.* Milk fatty acid profile of Holstein x Gyr cows on “Marandu” grass pasture under diferente grazing strategies. **Animal Science**, v. 52, n. 8, p. 652-662, 2017. DOI 10.1590/S0100-204X2017000800011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/9XPx4X7ZjYwXXzt7YZgzxMR/?lang=en>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SINGH, A. *et al.* Effect of non-genetic factors on milk fat compisition: A review. **Journal of Entomology and Zoology Studies**, v. 6, n. 3, p.142-145, 2018. Disponível em: <https://www.entomoljournal.com/archives/2018/vol6issue4/PartC/6-4-22-904.pdf>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SOUZA, N. E.; MATSUSHITA, M.; VISENTAINER, J. V. Ácidos graxos: estrutura, classificação, nutrição e saúde. **Arquivo da Apadec**, v. 2, n. 2,1998.

SOYEURT, H., A. *et al.* Estimation of heritability and genetic correlations for the major fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p.4435– 4442, 2007. DOI 10.3168/jds.2007-0054. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030207719057>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SOYEURT, H., P. *et al.* Estimating Fatty Acid Content in Cow Milk Using Mid-Infrared Spectrometry. **Journal of Dairy Science**, v. 89, p. 3690–3695, 2006. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(06)72409-2. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030206724092>. Acesso em: 23 fev. 2023.

STOOP, W.M. *et al.* Genetic parameters for major milk fatty acids and milk production traits of Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 385-394, 2008. DOI 10.3168/jds.2007-0181. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18096963/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

TAORMINA, V. M. *et al.* Branched-Chain Fatty Acids- An underexplored class of dairy- Derived fatty acids. **Nutrients**, v. 12, n. 2875, 2020. DOI 10.3390/nu12092875. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7551613/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

TORO-OSPINA A. M. *et al.* Genotype-environment interaction for milk production of Gyr cattle in Brazil and Colombia. **Genes & Genomics**, v. 45, p. 135-143, 2023. DOI 10.1007/s13258-022-01273-6. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35689753/>. Acesso em: 23 fev. 2024.

ULBRICHT, T.; SOUTHGATE, D. Coronary heart disease: seven dietary factors. **Lancet**, v. 338, n. 985-992, 1991. DOI 10.1016/0140-6736(91)91846-m. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1681350/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

ZHANG, X. *et al.* Milk consumption and multiple health outcomes: umbrella review of systematic reviews and meta-analyses in humans. **Nutrition & Metabolism**, v. 18, n. 7, 2021. DOI 10.1186/s12986-020-00527-y. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33413488/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

CAPÍTULO 2

Parâmetros genéticos do perfil de ácidos graxos da gordura do leite produzidos por vacas das raças Gir e Guzerá usando abordagem Bayesiana

2.1. RESUMO

O leite é um alimento base na dieta humana, e recentemente sua qualidade nutricional, principalmente em relação ao perfil de ácidos graxos (AG), tem sido amplamente investigada. Diversos estudos concentram-se no papel funcional e biológico desses AG na saúde humana. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para o perfil de AG e os índices de insaturação da gordura do leite de vacas zebuínas, sob a perspectiva de sua inclusão como critério de seleção para obtenção de um leite de melhor qualidade para a saúde humana. As raças estudadas foram Gir (N=299) e Guzerá (N=266). Para o estudo, foram selecionados 14 ácidos graxos individuais, 11 grupos de ácidos graxos, quatro índices de qualidade nutricional da gordura do leite e cinco índices de insaturação fenotipados a partir de amostras de leite de vacas de 22 rebanhos. Os componentes de (co)variância do perfil de AG foram estimados via inferência Bayesiana em análise tri-característica, utilizando produção de leite (PL305) e gordura (PG305) como características âncora. O modelo estatístico para análise da PL305 e PG305 incluiu os efeitos sistemáticos de grupo contemporâneo (GC) e idade do animal ao parto como covariável linear. Para o perfil de AG, o modelo considerou os efeitos sistemáticos de classe de idade à amostragem, categoria de dieta, GC e dias em lactação como covariável linear. Os resultados mostraram que a maioria dos AG individuais foram encontrados em concentrações abaixo de 4 g/ 100 g de AG totais. Independentemente da raça, o AG C16:0 foi o mais abundante, seguido pelo C18:1 *cis*-9, C18:0 e C14:0. Também foi observada uma maior concentração de ácidos graxos saturados (AGS) do que os ácidos graxos insaturados (AGI). As médias *a posteriori* das estimativas dos coeficientes de herdabilidade dos AG individuais na raça Gir variaram de 0,28 a 0,63, dos grupos de AG de 0,32 a 0,66 e dos índices de insaturação de 0,38 a 0,57. Para a raça Guzerá, essas estimativas variaram de 0,24 a 0,75 para os AG individuais, de 0,26 a 0,65 para os grupos de AG e de 0,50 a 0,68 para os índices de insaturação. A maioria das médias *a posteriori* dos coeficientes de correlação variaram de moderadas a altas, independentemente da direção. De forma geral, para ambas as raças, quando

as correlações não foram nulas, os ácidos graxos de cadeia longa (AGCL) se correlacionaram negativamente com os ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) e média (AGGM). O C4:0 apresentou correlação genética negativa e moderada com os AGCM. O padrão de correlação genética de C16:0 com os demais AG diferiu entre as duas raças estudadas. Conclui-se que os perfis de AG da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá podem ser alterados por meio de seleção, para aumentar a proporção de AG bioativos, com foco em um leite de melhor qualidade nutricional e funcional para o consumo humano.

Palavras-chave: ácidos graxos bioativos, correlação genética, herdabilidade, produção de leite, Zebu.

2.2. INTRODUÇÃO

O leite bovino é um alimento fundamental, pois fornece nutrientes essenciais à alimentação humana, incluindo proteínas de alto valor nutricional, gorduras, carboidratos, minerais e vitaminas (Gómez-Cortés *et al.*, 2018). Diversos estudos têm investigado os potenciais efeitos dos componentes da gordura do leite na saúde humana (Samková *et al.*, 2012 e Taormina *et al.*, 2020). A gordura láctea representa a fonte mais complexa de gordura natural na dieta humana, composta por uma ampla variedade de substâncias lipídicas, como os ácidos graxos (AG) (Djordjevic *et al.*, 2019).

Os AG presentes na gordura do leite de ruminantes podem ser captados da corrente sanguínea, sendo, neste caso, provenientes da dieta, da biohidrogenação pela microbiota ruminal ou da mobilização do tecido adiposo, ou ainda sintetizados *de novo* na glândula mamária (Grummer, 1991). Os ácidos graxos de cadeia longa (acima de 18 carbonos, AGCL) são em sua maioria obtidos exclusivamente via corrente sanguínea, enquanto que os de cadeia curta e média (AGCC e AGCM) são, em grande parte, sintetizados *de novo* na glândula mamária (Bouwman *et al.*, 2011).

A gordura do leite bovino é composta por uma grande diversidade de AG, para os quais torna-se importante compreender seus potenciais efeitos sobre a saúde humana. Visto que o leite e alguns de seus derivados possuem alto teor de gordura saturada, alguns profissionais de saúde têm recomendado a redução de seu consumo e a imprensa tem demonizado seu uso na alimentação humana, o que tem prejudicado a imagem do leite perante os consumidores. No entanto, alguns ácidos graxos

saturados (AGS) presentes na gordura do leite bovino possuem funções biológicas diferentes e parte deles podem ser benéficos à saúde humana em graus diferenciados. Apesar dos dois AG mais abundantes no leite serem saturados (C16:0 e C18:0), até o momento somente o C16:0 tem sido associado ao risco de doenças em humanos (Gómez-Cortés *et al.*, 2018; Legrand; Rioux, 2015).

As principais ações na saúde humana de alguns AG individuais são: desempenhar funções anticancerígenas e antiaterogênicas, atuar na melhoria da resposta imunológica e na prevenção de doenças cardíacas, exercer atividades antimicrobianas e antivirais, e, também, ter papel sobre diversos distúrbios metabólicos (Abdoul- Aziz; Zhang; Wang, 2021; Blaak *et al.*, 2020; Claeys *et al.*, 2014; Coniglio *et al.*, 2023; Kesztycka *et al.*, 2013; Roopashree; Shetty; Kumari, 2021). Entretanto, estudos recentes demonstram que a capacidade dos AG prejudicarem a saúde humana, em relação a alguma doença em particular deve ser considerada conjuntamente à matriz alimentar em que esses AG estão inseridos e não de forma isolada (Roopashree; Shetty; Kumari, 2021).

A qualidade nutricional da gordura do leite de ruminantes pode ser avaliada por meio de índices que utilizam em suas fórmulas dados sobre AG específicos. Alguns dos índices mais utilizados são: índice aterogênico (IA) e trombogênico (IT), relação entre AG hipocolesterolêmico e AG hipercolesterolêmico (HH), relação ômega 6/ômega 3 (ω -6/ ω -3) e índices de insaturação. Há um consenso na literatura de que menores valores de IA, IT e ω -6/ ω -3, e maiores valores de HH e índices de insaturação, indicam menor concentração de AG indesejáveis e maior concentração de AG bioativos benéficos à saúde humana no leite bovino (Chen; Liu, 2020; Duque *et al.*, 2020; Sharma *et al.*, 2018).

Na literatura, são encontrados diversos trabalhos que estimaram parâmetros genéticos para o perfil de AG da gordura do leite bovino (Bobbo; Penasa; Cassandro, 2020; Fleming *et al.*, 2018; Klein *et al.*, 2021; Narayana *et al.*, 2017; Stoop *et al.*, 2009, Soyeurt *et al.*, 2007). De forma geral, os resultados indicam que os AGCC e os AGCM estão sob maior controle genético do que os AGCL. Quanto à herdabilidade, maiores estimativas são esperadas para AGS em relação aos ácidos graxos insaturados (AGI), dado que a maior parte dos AG sintetizados *de novo* na glândula mamária está saturada devido à baixa ação da enzima SCD1 sobre AG com comprimento de cadeia menor que 18 carbonos (Chilliard *et al.*, 2000).

A maioria dos estudos para estimar parâmetros genéticos do perfil de ácidos graxos da gordura do leite foram conduzidos em raças taurinas. Em raças zebuínas essas informações são ainda escassas. As raças zebuínas, em especial, a Gir e a Guzerá, são amplamente utilizadas nos sistemas de produção de leite brasileiros, como rebanhos puros ou mestiços, em função de sua rusticidade, ou seja, bom desempenho em ambientes desafiadores, e de sua elevada produção de sólidos do leite, particularmente de gordura (Carvalho *et al.*, 2023; Hortoloni *et al.*, 2022; Paiva *et al.*, 2020; Peixoto *et al.*, 2021). Sendo assim, as raças zebuínas são consideradas um valioso recurso genético nacional e o estudo da variação do perfil de ácidos graxos da gordura do leite com potencial nutracêutico assume grande relevância uma vez que permitirá definir critérios de seleção para sua melhoria.

Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para o perfil de ácidos graxos e os índices de insaturação da gordura do leite de vacas Zebuínas via abordagem Bayesiana.

2.3. MATERIAIS E MÉTODOS

2.3.1. Dados fenotípicos e genealógicos

Os dados de produção de leite e de gordura foram provenientes das bases de dados dos Programas Nacionais de Melhoramento do Gir Leiteiro e do Guzerá para Leite, coordenados pela Embrapa Gado de Leite, em parceria com a Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro e o Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá. Foram utilizados registros da produção de leite e de gordura às primeiras lactações de 15.620 vacas Gir, aferidos entre os anos de 1997 e 2016, e de 7.569 vacas Guzerá, entre os anos de 1983 e 2022. Os dados de produção mensal foram acumulados e truncados em 305 dias. Os dados dos perfis de AG foram obtidos do projeto “Influência de polimorfismos no gene da enzima estearoil-CoA desaturase (SCD) sobre a qualidade nutricional da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá” (Fapemig - CVZ APQ 02003-15), coordenado pela Embrapa Gado de Leite.

Para o estudo do perfil de ácidos graxos, foram colhidas amostras individuais e únicas de leite e de sangue no período em torno do pico de lactação, quando se espera que a expressão dos genes envolvidos no metabolismo de lipídeos e a expressão fenotípica sejam máximas, de 337 vacas Gir e de 284 vacas Guzerá, de 11 rebanhos de cada raça. Os rebanhos da raça Gir estão distribuídos na região Sudeste e, da raça Guzerá, nas regiões Sudeste e Nordeste do Brasil. As colheitas de amostras

de leite foram realizadas nos anos de 2012, 2016 (exceto para a raça Gir), 2017 e 2018. Cada amostra, contendo 15 ml de leite, foi composta por 2/3 do leite da primeira ordenha e o 1/3 restante do leite da segunda ordenha, representando a produção diária individual próxima ao dia do controle. As amostras foram acondicionadas em tubos 'Falcon' e sem adição de conservante, sendo imediatamente congeladas à -20°C, e armazenadas até o momento das análises.

As amostras de leite foram analisadas por cromatografia gasosa como éteres metílicos de ácidos graxos (FAME), conforme descrito por Matosinho *et al.* (2023), para obtenção dos fenótipos para os ácidos graxos.

Para este estudo, foram selecionados 14 ácidos graxos individuais, 11 grupos de ácidos graxos, quatro índices de qualidade nutricional da gordura do leite e cinco índices de insaturação, conforme descrito nas tabelas 1 e 2. Nas tabelas 3 e 4, constam as descrições dos ácidos graxos que compõem cada grupo e as fórmulas utilizadas para cálculo dos índices. Os índices de insaturação foram calculados para os quatro principais pares produto/substrato da SCD1 (C14:1 *cis*-9/C14:0, C16:1 *cis*-9/C16:0, C18:1 *cis*-9/C18:0 e CLA *cis*-9 *trans*-11/C18:1 t11) e para o índice de insaturação total, conforme descrito por Schennink *et al.* (2008).

Os dados de genealogia compreenderam 34.248 animais Gir, sendo 13.365 mães e 2.221 pais, distribuídos ao longo de 9 gerações, e 21.954 animais Guzerá, sendo 10.773 mães e 2.203 pais distribuídos ao longo de 14 gerações.

Tabela 1- Nomenclatura dos ácidos graxos individuais e dos grupos estudados

Característica	Nomenclatura comum
Ácidos graxos individuais	
C4:0	ácido butírico
C8:0	ácido caprílico
C10:0	ácido cáprico
C12:0	ácido láurico
C14:0	ácido mirístico
C16:0	ácido palmítico
C18:0	ácido esteárico
C18:1 <i>trans</i> -11	ácido trans-vacênico
C18:1 <i>cis</i> -9	ácido oleico
C18:2 ω -6	ácido linoleico (ômega 6)
CLA, C18:2 <i>cis</i> -9, <i>trans</i> -11	ácido rumênico
C18:3 ω -3	ácido α -linolênico (ômega 3)
C18:3 ω -6	ácido γ -linolênico (ômega 6)
C20:5 ω -3	ácido eicosapentaenóico (ômega 3)
Grupos de ácidos graxos	
AGCC	ácidos graxos de cadeia curta
AGCM	ácidos graxos de cadeia média
AGCL	ácidos graxos de cadeia longa
AGS	ácidos graxos saturados
AGI	ácidos graxos insaturados
AGM	ácidos graxos monoinsaturados
AGP	ácidos graxos poli-insaturados
AGCIL	ácidos graxos de cadeia ímpar linear
AGCIR	ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada
ω -6 <i>cis</i>	ácidos graxos ômega 6 de configuração <i>cis</i>
ω -3 <i>cis</i>	ácidos graxos ômega 3 de configuração <i>cis</i>

Tabela 2 - Nomenclatura dos índices de qualidade nutricional da gordura do leite e índices de insaturação estudados

Índices de qualidade nutricional da gordura do leite	
$\omega 6/\omega 3$	relação entre os ácidos graxos ômega 6 e ômega 3
H/H	relação entre ácidos graxos hipocolesterolêmico e hipercolesterolêmicos
IA	Índice aterogênico
IT	Índice trombogênico
Índices de insaturação	
Índice C14:1	índice de insaturação C14:1
Índice C16:1	índice de insaturação C16:1
Índice C18:1	índice de insaturação C18:1
Índice CLA	índice de insaturação CLA
IIT	índice de insaturação total

Tabela 3- Ácidos graxos e fórmulas que foram utilizadas para o cálculo dos grupos do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá

Característica	Ácidos graxos incluídos
	Grupos
AGCC ²	$\Sigma(C4:0 + C6:0 + C8:0 + C10:0)$
AGCM ²	$\Sigma(C11:0 + C12:0 + C14:0 + C14:1 + C15:0 + C16:0 + C16:1)$
AGCL ²	$\Sigma(C17:0 + C18:0 + C17:1 + C18:1 \omega-9 \text{ trans} + C18:1 \omega-9 \text{ cis} + C18:2 \omega-6 \text{ trans} + C18:2 \omega-6 \text{ cis} + C18:3 \omega-3 + C22:6 \omega-3 + CLA C18:2 \text{ cis-9, trans-11})$
AGS ²	$\Sigma(C4:0 + C6:0 + C8:0 + C10:0 + C11:0 + C12:0 + C13:0 + C14:0 + C15:0 + C16:0 + C17:0 + C18:0)$
AGI ²	$\Sigma(C14:1 + C16:1 + C17:1 + C18:1 \omega-9 \text{ trans} + C18:1 \omega-9 \text{ cis} + C18:2 \omega-6 \text{ trans} + C18:2 \omega-6 \text{ cis} + C18:3 \omega-3 + C22:6 \omega-3 + CLA C18:2 \text{ cis-9, trans-11})$
AGM ³	$\Sigma(C14:1 + C16:1 + C18:1 \text{ trans-11} + C18:1 \text{ cis-9})$
AGP ³	$\Sigma(C18:2 \omega-6 + C18:3 \omega-3 + CLA C18:2 \text{ cis-9, trans-11})$
AGCIL	$\Sigma(C5:0 + C7:0 + C9:0 + C11:0 + C15:0 + C17:0 + C17:1 \text{ cis9} + C21:0 + C23:0)$
AGCIR	$\Sigma(AGCIL + C15:0 \text{ anteiso} + C14:0 \text{ iso} + C15:0 \text{ iso} + C16:0 \text{ iso} + C18:0 \text{ iso})$
$\omega-6 \text{ cis}$	$\Sigma(C18:2 \omega-6 + C18:3 \omega-6 + C20:2 \omega-6 + C20:3 \omega-6 + C20:4 \omega-6)$
$\omega-3 \text{ cis}$	$\Sigma(C18:3 \omega-3 + C20:5 \omega-3 + C22:5 \omega-3)$

¹AGCC= ácidos graxos de cadeia curta, AGCM= ácidos graxos de cadeia média, AGCL= ácidos graxos de cadeia longa, AGS= ácidos graxos saturados, AGI= ácidos graxos insaturados, AGM= ácidos graxos monoinsaturados, AGP= ácidos graxos poli-insaturados, AGCIL= ácidos graxos de cadeia ímpar e linear, AGCIR= ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada, $\omega-6 \text{ Cis}$ = ácidos graxos ômega 6 de configuração cis, $\omega-3 \text{ Cis}$ = ácidos graxos ômega 3 de configuração cis.

Fonte: ²Narayana *et al.* (2017); ³Krag *et al.* (2013).

Tabela 4 - Ácidos graxos e fórmulas que foram utilizadas para o cálculo dos índices do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá

Índices de qualidade nutricional da gordura do leite – Fórmulas	
$\omega 6/\omega 3$	$(\sum \omega -6) / (\sum \omega -3)$
H/H ²	$(C18:1 \omega -9 + C18:2 \omega -6 + C20:4 \omega -6 + C18:3 \omega -3 + C20:5 \omega -3 + C22:5 \omega -3 + C22:6 \omega -6) / (C12:0 + C14:0 + C16:0)$
IA ³	$(C12:0 + (4 \times C14:0) + C16) / (C18:1 \text{ cis-9} + \omega 6\text{-cis} + \omega -3\text{-cis})$
IT ³	$(C14:0 + C16:0 + C18:0) / ((0,5 \times C18:1 \text{ cis-9}) + (0,5 \times \omega 6\text{-cis}) + (3 \times \omega 3\text{-cis}) + (\omega 6/\omega 3))$
Índice de insaturação – Fórmulas	
Índice C14:1 ⁴	$(C14:1 \text{ cis-9}) / (C14:1 \text{ cis-9} + C14:0) \times 100$
Índice C16:1 ⁴	$(C16:1 \text{ cis-9}) / (C16:1 \text{ cis-9} + C16:0) \times 100$
Índice C18:1 ⁴	$(C18:1 \text{ cis-9}) / (C18:1 \text{ cis-9} + C18:0) \times 100$
Índice CLA ⁴	$(C18:2 \text{ cis-9, trans-11}) / (C18:2 \text{ cis-9, trans-11} + C18:1 \text{ trans-11}) \times 100$
IIT ^{4,5}	$100 \times (C14:1 \text{ cis-9} + C16:1 \text{ cis-9} + C18:1 \text{ cis-9} + C18:2 \text{ cis-9, trans-11}) / ((C14:1 \text{ cis-9} + C16:1 \text{ cis-9} + C18:1 \text{ cis-9} + C18:2 \text{ cis-9, trans-11} + C14:0 + C16:0 + C18:0 + C18:1 \text{ trans-11}))$

¹ $\omega 6/\omega 3$ = relação entre os ácidos graxos ômega6 e ômega3, H/H= relação entre ácidos graxos hipocolesterolêmico e hipercolesterolêmicos, IA= Índice de aterogênico, IT= Índice de trombogênico; índice C14:1= índice de atividade da enzima estearoil Co-A dessaturase (índice de insaturação); Índice total= índice de insaturação total.

Fonte: ² Santos-Silva *et al.* (2002); ³Ulbricht e Southgate (1991); ⁴Schennink *et al.* (2008); ^{4,5} Mele *et al.* (2007);

Duas bases de dados foram estabelecidas, uma para a raça Gir e outra para a raça Guzerá. Essas bases continham informações referentes à identificação dos animais, data de nascimento, data de parto, data de amostragem do perfil de AG, idade da vaca ao parto, idade da vaca à amostragem do perfil de AG, rebanho, dieta, genealogia, grupo de contemporâneos (GC), dias em lactação (DEL), informações das produções acumuladas em 305 dias de lactação de leite (PL305) e de gordura (PG305), perfil de AG e dos índices. A variável DEL compreendeu, em média, $67 \pm 34,89$ dias para a Gir e $73 \pm 38,54$ dias para a Guzerá, para os animais que possuíam fenótipo para perfil de AG. Os dados foram previamente submetidos à análise de consistência, utilizando o programa R.

Para o perfil de AG, a idade à amostragem e a dieta foram agrupadas em classes, totalizando três classes de idade à amostragem para ambas as raças, e seis categorias de dieta fornecidas às vacas Gir e quatro às vacas Guzerá, conforme descrito nas Tabelas 5 e 6 (vide apêndice B para visualizar as distribuições dos ácidos graxos, de acordo com as categorias de dieta). Para categorização da dieta, as dietas registradas nos diferentes rebanhos foram inicialmente divididas em três grandes grupos: pasto tropical, silagem de milho e mista (pasto tropical e silagem de milho), e, posteriormente, esses grupos foram subdivididos conforme o tipo de concentrado fornecido: com concentrado lipídico (foram incluídas nesta classe o fornecimento de soja, gordura protegida ou algodão) ou sem concentrado lipídico, no qual era fornecida cevada. Foi observada maior diversidade de dietas em rebanhos de vacas Gir.

Tabela 5 – Número de animais (N) por classe de idade e categoria de dieta fornecida às vacas Gir amostradas para o estudo do perfil de ácidos graxos

Classe	N	Composição da classe de idade dos animais
1 ¹	99	Primeiro parto
2	87	Segunda a quarta ordem de parto
3	113	Animais acima da quarta ordem de parto
Composição da dieta		
1	57	Silagem de milho + Concentrado não-lipídico
2	62	Silagem de milho + Concentrado lipídico
3	41	Pasto tropical + Concentrado não-lipídico
4	71	Pasto tropical + Concentrado lipídico
5	34	Mista + Concentrado não-lipídico
6	34	Mista + Concentrado lipídico

¹ A média de idade ao primeiro parto do banco de dados de leite foi considerada como base para estipular a idade dos animais que seriam incluídos na primeira classe.

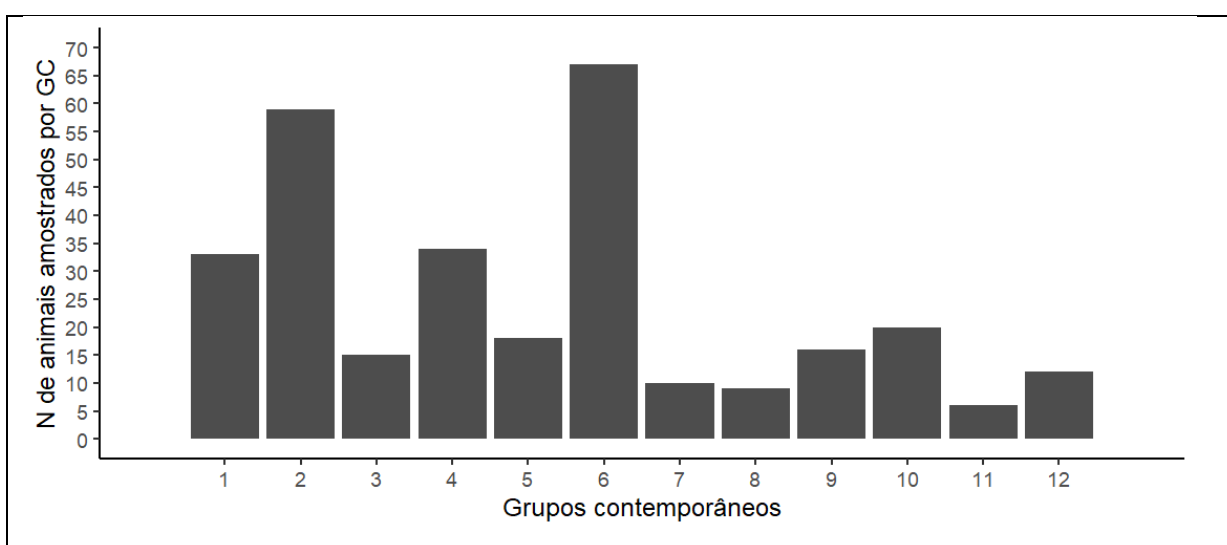
Tabela 6- Número de animais (N) por classe de idades e categoria de dieta fornecida para as vacas Guzerá amostradas para o estudo do perfil de ácidos graxos

Classe	N	Composição da classe de idade dos animais
1 ¹	69	Primeiro parto
2	76	Segunda a quarta ordem de parto
3	121	Animais acima da quarta ordem de parto
Composição da dieta		
1	59	Silagem de milho + Concentrado não-lipídico
2	116	Pasto tropical + Concentrado não-lipídico
3	58	Pasto tropical + Concentrado lipídico
4	33	Mista + Concentrado não-lipídico

¹ A média de idade ao primeiro parto do banco de dados de leite foi considerada como base para estipular a idade dos animais que seriam incluídos na primeira classe.

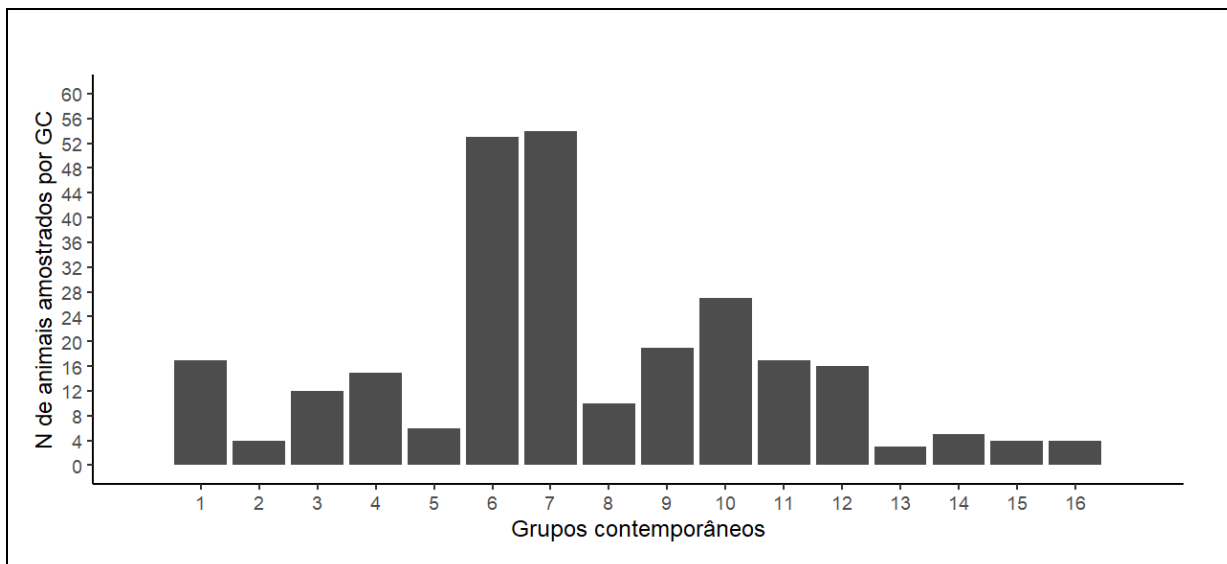
Para as análises de PL305 e PG305, foram mantidos somente dados da primeira lactação e os GC foram formados concatenando-se rebanho, ano e estação de parto (estação seca: abril a setembro; estação chuvosa: outubro a março). Nas análises de AG foram concatenados rebanho, ano e estação de amostragem (seca e chuvosa) para formação dos GC. Nas figuras 1 e 2 são apresentadas a distribuição dos animais Gir e Guzerá com fenótipos para o perfil de AG dentro de cada GC.

Figura 1- Distribuição dos indivíduos dentro de cada grupo contemporâneo para o perfil de ácidos graxos do leite de vacas Gir



Fonte: A autora.

Figura 2 - Distribuição dos indivíduos dentro de cada grupo contemporâneo para o perfil de ácidos graxos do leite de vacas Guzerá



Fonte: A autora.

As informações referentes aos animais com fenótipo para AG, que possuíam pai e/ou mãe desconhecidos, sem informação de data de nascimento, e sem data de parto foram eliminadas do banco de dados. Apenas os grupos contemporâneos com mais de três animais, sendo estes compostos de filhas de pelo menos dois touros diferentes, foram mantidos. Para cada característica foram eliminados os *outliers* dentro do GC (± 3 desvios-padrão da média). Ao final, o banco de dados da raça Gir conteve informação de 15.902 vacas com fenótipo para PL305 (GC= 2.117), 5.255 vacas com fenótipos para PG305 (GC= 705) e 299 vacas fenotipadas para o perfil de AG (GC= 12) e, da raça Guzerá, de 7.159 vacas com fenótipo para PL305 (GC= 655), 2.460 vacas com fenótipo para PG305 (GC= 206), e 266 vacas fenotipadas para o perfil de AG (GC= 16).

2.3.2. Componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes de (co)variância do perfil de ácidos graxos foram estimados por inferência Bayesiana em análises tri-características, utilizando PL305 e PG305 como características âncoras. Os efeitos sistemáticos considerados nos modelos para PL305 e PG305 foram o GC e, como covariável linear, idade do animal ao parto. Para o perfil de ácidos graxos, os efeitos sistemáticos foram a classe de idade à

amostragem, dieta, GC e, como covariável linear, dias em lactação (DEL). O modelo geral adotado, em notação matricial, foi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

em que, $\mathbf{y}$ é o vetor de registros fenotípicos para cada característica (PL305, G305 e AG); $\mathbf{X}$ é a matriz de incidência de efeitos sistemáticos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos sistemáticos; $\mathbf{Z}$ é a matriz de incidência de efeitos aleatórios genético-aditivos; $\mathbf{a}$ é o vetor de efeitos aleatórios genético-aditivos; e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de efeitos aleatórios residuais. Assumiram-se as seguintes distribuições: $\mathbf{y} | \boldsymbol{\beta}, \mathbf{a}, \boldsymbol{\varepsilon} \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$; $\boldsymbol{\beta} \sim N(0, \boldsymbol{\Sigma}_\beta \otimes \mathbf{I})$, em que $\boldsymbol{\Sigma}_\beta$ é uma matriz diagonal com valores $1e^{+10}$, para representar *priori* não informativa; $\mathbf{a} | \mathbf{G}_0 \sim N(0, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$; $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$, em que $\mathbf{G}_0$ é a matriz de (co)variâncias dos efeitos genético-aditivos, $\mathbf{A}$ é matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco baseada na genealogia; $\mathbf{I}$ é uma matriz identidade; $\mathbf{R}_0$ é a matriz de (co)variância residual; e $\otimes$ é o produto de Kronecker. Uma distribuição *a priori* de Wishart invertido (IW) foi assumida para $\mathbf{G}_0$ e $\mathbf{R}_0$. $\mathbf{G}_0 | V_g, v_g \sim IW(V_g, v_g)$; $\mathbf{R}_0 | V_r, v_r \sim IW(V_r, v_r)$, em que V_g e V_r são os valores dos hiperparâmetros dos componentes de (co)variância, e v_g e v_r são graus de liberdade *a priori*, correspondentes aos valores dos hiperparâmetros das (co)variâncias.

Os modelos foram implementados em uma abordagem Bayesiana via amostragem de Gibbs, usando o programa GIBBSF90+ (Misztal *et al.*, 2014). Foi estabelecido um tamanho da cadeia de 2.000.000 de iterações, considerando um *burn-in* de 2.000 iterações e *thin* de 80, para todas as características. Assim, 24.975 amostras foram usadas para obter a distribuição marginal *a posteriori* dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. Os critérios de convergência das cadeias de Gibbs foram monitorados por inspeção gráfica e pelo teste de Geweke (1991).

As estimativas *a posteriori* dos coeficientes de herdabilidade (h^2) foram calculadas como a proporção da variância genética aditiva em relação à variância fenotípica, usando os valores obtidos nas análises tricaracterística para o perfil de ácidos graxos e na análise bicaracterística para PL305 e PG305, da seguinte forma:

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

em que σ_a^2 e σ_e^2 representam, respectivamente, as variâncias genético-aditivas e residuais.

As estimativas *a posteriori* dos coeficientes de correlação genética (r_G) foram calculadas da seguinte forma:

$$r_G = \frac{\sigma_{a1,a2}}{\sqrt{\sigma_{a1}^2 \times \sigma_{a2}^2}},$$

As características são denominadas 1 e 2. E $\sigma_{a1,a2}$ representa a covariância genética aditiva entre as características 1 e 2.

2.4. RESULTADOS

2.4.1. Estatística descritiva das características de produção e perfil de ácidos graxos

Para a descrição das médias das características deste estudo, foram consideradas apenas as informações de primíparas, com fenótipos dentro da amplitude de $\pm$ três desvios padrão da média. Nas tabelas 7, 8, 9 e 10 são apresentadas as estatísticas descritivas dessas características nas raças Gir e Guzerá. Para a raça Gir, foram observados amplos coeficientes de variação (CV) para a maioria das características do perfil de ácidos graxos (AG). A raça Guzerá, apresentou CV um pouco menor para os AG.

Independentemente da raça, o ácido graxo palmítico (C16:0) foi o que se apresentou em maior proporção na gordura do leite, seguidos dos ácidos oleico (C18:1 *cis*-9), esteárico (C18:0) e mirístico (C14:0). Foram observadas maiores concentrações de AG de cadeia média (AGCM) em relação aos observados para os AG de cadeia longa (AGCL) e curta (AGCC); maior concentração de ácidos graxos saturados (AGS) do que de insaturados (AGI); e maior proporção de ácidos graxos monoinsaturados (AGM) do que poli-insaturados (AGP). Os demais AG individuais e grupos de AG foram encontrados em concentrações menores que 4 g/100 g AG. Os índices de qualidade nutricional da gordura do leite e índices de insaturação das raças estudadas foram semelhantes (tabelas 8 e 10).

Tabela 7- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Gir

Característica ¹	N	Média (kg)	± DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
PL305	15.601	2.894	1.736,3	59,99	2.314,9	8.102,9
PG305	5.255	119,14	53,72	45,08	41,96	280,24
Ácidos graxos individuais						
C4:0	299	3,53	0,6	17,99	1,92	5,23
C8:0	299	1,32	0,3	19,06	0,48	2,12
C10:0	299	2,45	0,6	25,87	0,74	4,36
C12:0	299	2,78	0,7	26,77	0,99	5,04
C14:0	297	9,14	1,6	17,16	5,17	12,81
C16:0	298	28,46	4,0	14,22	20,09	42,79
C18:0	298	9,78	2,1	21,14	4,46	16,63
C18:1 trans-11	296	1,45	0,6	40,29	0,45	3,09
C18:1 cis-9	299	21,32	4,7	22,23	11,47	33,33
CLA cis-9, trans-11	298	0,77	0,3	38,34	0,28	1,71
C18:3 ω3	297	0,37	0,1	31,80	0,14	0,67
C18:2 ω6	298	1,90	0,9	46,91	0,74	4,22
C18:3 ω6	298	0,02	0,0	42,76	0,01	0,05
C20:5 ω3	299	0,02	0,0	39,11	0,01	0,06

¹CLA=ácido linoleico conjugado.

Tabela 8- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo dos grupos de ácidos graxos e índices de qualidade nutricional e índices de insaturação (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Gir

Característica ¹	N	Média (kg)	± DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
Grupos de ácidos graxos						
AGCC	299	9,41	1,6	17,00	4,39	14,58
AGCM	298	44,46	6,0	13,53	31,31	61,50
AGCL	298	35,29	6,2	17,50	18,60	49,71
AGS	297	61,35	6,5	10,53	46,33	75,24
AGI	298	27,93	5,6	20,08	15,66	42,40
AGM	298	25,70	5,1	19,78	14,82	38,41
AGP	296	3,04	1,2	38,49	1,39	6,31
AGCIL	298	2,04	0,4	21,19	1,16	3,74
OBCFA	299	3,14	0,8	23,91	1,74	6,12
ω-6 Cis	297	2,11	0,9	43,37	0,95	4,43
ω-3 Cis	298	0,45	0,1	27,56	0,20	0,80
Índices de qualidade nutricional da gordura do leite						
ω6/ω3	298	4,71	1,5	31,57	1,74	7,98
H/H	297	0,66	0,2	34,39	0,25	1,28
IA	299	3,07	1,1	36,39	1,08	6,85
IT	299	3,81	1,2	31,30	1,87	7,78
Índices de insaturação						
Índice C14:1	298	10,22	2,2	21,14	3,52	16,82
Índice C16:1	297	6,38	1,5	23,13	3,46	10,92
Índice C18:1	299	68,19	5,7	8,32	54,35	82,62
Índice CLA	299	34,72	4,4	12,56	20,28	46,24
IIT	299	33,82	6,3	18,64	19,49	49,60

¹AGCC= ácidos graxos de cadeia curta, AGCM= ácidos graxos de cadeia média, AGCL= ácidos graxos de cadeia longa, AGS= ácidos graxos saturados, AGI= ácidos graxos insaturados, AGM= ácidos graxos monoinsaturados, AGP= ácidos graxos poli-insaturados, AGCIL= ácidos graxos de cadeia ímpar e linear, AGCIR= ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada, ω-6 Cis= ácidos graxos ômega 6 de configuração cis, ω-3 Cis= ácidos graxos ômega 3 de configuração cis, ω6/ω3= relação entre os ácidos graxos ômega6 e ômega3, H/H= relação entre ácidos graxos hipocolesterolêmico e hipercolesterolêmicos, IA= Índice aterogênico, IT= Índice de trombogênico, índice C14:1= índice de insaturação (índice de atividade da enzima estearoil Co-A dessaturase-1) e IIT= índice de insaturação total.

Tabela 9- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá

Característica ¹	N	Média (kg)	± DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
PL305	7159	2.080	1080,56	51,96	1.161,68	5.322,7
PG305	2460	84,93	38,51	45,35	29,37	200,46
Ácidos graxos individuais						
C4:0	266	3,27	0,40	12,35	1,55	4,68
C8:0	266	1,35	0,24	17,67	0,78	2,07
C10:0	266	2,53	0,66	25,97	1,05	4,48
C12:0	266	2,98	0,82	27,34	1,39	5,40
C14:0	266	9,39	1,24	13,21	4,70	12,35
C16:0	266	27,55	3,21	11,66	19,79	34,90
C18:0	266	10,41	2,02	19,44	6,45	17,03
C18:1 trans-11	265	1,83	0,90	49,05	0,43	3,91
C18:1 cis-9	266	20,81	3,24	15,58	13,18	30,59
CLA cis-9, trans-11	264	0,92	0,40	42,79	0,26	1,82
C18:3 ω3	265	0,39	0,09	24,21	0,21	0,89
C18:2 ω6	265	1,10	0,34	30,57	0,41	1,98
C18:3 ω6	266	0,01	0,01	46,57	0,00	0,03
C20:5 ω3	264	0,03	0,01	41,03	0,01	0,08

¹CLA= ácido linoleico conjugado.

Tabela 10- Média, desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), mínimo e máximo dos grupos de ácidos graxos e índices de qualidade nutricional e índices de insaturação (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá

Característica ¹	N	Média (kg)	± DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
Grupos de ácidos graxos						
AGCC	266	9,24	1,33	14,42	6,13	13,16
AGCM	266	44,41	5,06	11,40	32,55	55,44
AGCL	266	34,88	4,70	13,49	23,38	48,82
AGS	265	61,69	4,66	7,55	50,69	73,51
AGI	265	26,97	3,55	13,17	17,87	37,54
AGM	266	25,71	3,62	14,09	16,45	35,14
AGP	265	2,42	0,40	16,62	1,48	3,51
AGCIL	266	2,39	0,31	13,16	1,79	3,52
OBCFA	265	3,94	0,59	15,11	2,93	5,82
ω-6 Cis	265	1,29	0,37	28,70	0,52	2,28
ω-3 Cis	265	0,49	0,11	22,58	0,31	1,01
Índices de qualidade nutricional da gordura do leite						
ω6/ω3	266	2,81	1,07	38,23	1,00	5,66
H/H	266	0,63	0,16	26,05	0,34	1,23
IA	264	3,12	0,79	25,48	1,29	5,52
IT	264	3,76	0,78	20,77	2,02	6,33
Índices de insaturação						
Índice C14:1	265	10,87	2,01	18,52	5,17	18,37
Índice C16:1	260	6,68	1,11	16,58	3,78	9,68
Índice C18:1	265	66,71	4,44	6,66	53,57	79,77
Índice CLA	265	34,49	4,29	12,43	23,11	45,69
IIT	265	33,52	4,28	12,75	21,71	44,88

¹AGCC= ácidos graxos de cadeia curta, AGCM= ácidos graxos de cadeia média, AGCL= ácidos graxos de cadeia longa, AGS= ácidos graxos saturados, AGI= ácidos graxos insaturados, AGM= ácidos graxos monoinsaturados, AGP= ácidos graxos poli-insaturados, AGCIL= ácidos graxos de cadeia ímpar e linear, AGCILR= ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada, ω-6 Cis= ácidos graxos ômega 6 de configuração cis, ω-3 Cis= ácidos graxos ômega 3 de configuração cis, ω6/ω3= relação entre os ácidos graxos ômega6 e ômega3, H/H= relação entre ácidos graxos hipocolesterolêmico e hipercolesterolêmicos, IA= Índice aterogênico, IT= Índice de trombogênico, índice C14:1= índice de insaturação (índice de atividade da enzima estearoil Co-A dessaturase-1) e IIT= índice de insaturação total.

2.4.2. Parâmetros genéticos das características de produção e perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá

Para estimação dos componentes de variância e herdabilidade foram mantidos apenas os 10 ácidos graxos individuais mais estudados e associados à saúde humana, grupos de ácidos graxos (AGCC, AGCM, AGCL, AGS, AGI, AGM, AGP, AGCIL, AGCR, ω -6 Cis e ω -3 Cis), relação ω 6/ ω 3 e índices de insaturação. As correlações genéticas foram estimadas apenas para os AG individuais e produções de leite e de gordura.

O número de cadeias analisadas foi suficiente para estabilizar todas as análises para as duas raças. Nas tabelas 11, 12, 13, 14, 15 e 16 são apresentadas as estimativas *a posteriori* dos componentes de variância e herdabilidade do perfil de ácidos graxos (AG) da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá. Independentemente da raça, foi observado que os intervalos de credibilidade no presente estudo foram amplos.

2.4.2 Herdabilidade

As médias *a posteriori* das estimativas dos coeficientes de herdabilidade da produção de leite (PL305) para as raças Gir e Guzerá foram respectivamente 0,17 e 0,29, e da produção de gordura (PG305) foram 0,06 e 0,21, respectivamente.

As estimativas *a posteriori* dos coeficientes de herdabilidade dos AG individuais variaram de 0,28 a 0,63, dos grupos de AG, de 0,32 a 0,66, e dos índices de insaturação de 0,38 a 0,57 para a raça Gir. Para a raça Guzerá, as estimativas de herdabilidade variaram de 0,24 a 0,75 para os AG individuais, de 0,26 a 0,65 para os grupos de AG e de 0,50 a 0,68 para os índices de insaturação.

2.4.3 Correlação genética

As médias *a posteriori* das estimativas dos coeficientes de correlação genética são apresentadas na figura 3 para raça Gir e na figura 4 para raça Guzerá (vide tabelas completas no apêndice C). A convergência foi alcançada para todas as características estudadas. Contudo, observaram-se grandes desvios-padrão *a posteriori* para as correlações genéticas estimadas (tabelas 1 e 2 e 3, vide apêndice C). Quando o zero foi incluído nos intervalos de credibilidade (IC) das correlações genéticas, as mesmas foram consideradas nulas. As correlações variaram de moderada a altas, independentemente da direção.

As correlações genéticas da PL305 com todos os AG individuais estudados na raça Gir foram nulas. No entanto, da PG305 apresentou correlação genética moderada e positiva com os AG C4:0 e C16:0, e correlação moderada e negativa com o CLA.

As correlações genéticas entre os AG individuais variaram de -0,90 a 0,98 para a raça Gir, sendo que o C4:0 apresentou correlação negativa e moderada com os ácidos graxos C10:0, C12:0 e C14:0, e positiva com C16:0 e C18:1 *trans*-11. O C18:1 *cis*-9 apresentou correlação de moderada a alta e negativa com os AGCC e AGCM (C8:0 a C16:0), enquanto o CLA apresentou correlação genética positiva e alta com seu precursor C18:1 *trans*-11 e negativa, de moderada a alta, com o C8:0 a C14:0.

Para a raça Guzerá, as correlações genéticas entre os AG individuais e PL305 foram moderadas e negativas para os AG do C8:0 ao C14:0, e positiva para C18:0; os AG C10:0, C12:0 e C14:0 apresentaram correlação genética moderada e negativa com PG305. Quanto aos AG individuais, o C18:0 apresentou correlação moderada e positiva com o C4:0 e negativa com os C8:0 ao C14:0; o C18:1 *trans*-11 apresentou correlação de baixa a alta com os C8:0 ao C14:0; o C18:1 *cis*-9 apresentou correlação moderada e positiva com o C4:0, e negativa, de moderada a alta, com C12:0 ao C16:0; e o CLA apresentou correlação genética moderada e negativa com o C4:0 ao C14:0 e positiva com o 18:1 *cis*-9.

Os ácidos graxos C8:0 a C14:0, em ambas as raças, apresentaram correlações genéticas positivas, altas e moderadas, com o C18:0 e C18:1 *trans*-11. O padrão de correlação genética do C16:0 com os demais AG diferiu entre as duas raças estudadas. De forma geral, independentemente da raça, quando as correlações não foram nulas, os AGCL se correlacionaram negativamente com os AGCC e AGGM.

Tabela 11– Médias *a posteriori*, desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e dos ácidos graxos individuais da gordura do leite de vacas Gir

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC] ²	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
PL305	219.120,00 (21.846,00)	[177.700,00; 263.000,00]	1.089.800,00 (21.562)	[1.050.000; 1.134.000]	0,17 (0,02)	[0,14;0,20]
PG305	358,95 (65,12)	[234,10;486,70]	5.656 (135,54)	[5.384; 5.915]	0,06 (0,01)	[0,04;0,08]
Ácidos graxos individuais						
C4:0	0,0566 (0,025)	[0,0132; 0,1024]	0,1412 (0,023)	[0,0963; 0,1861]	0,28 (0,1)	[0,07; 0,49]
C8:0	0,0136 (0,005)	[0,0069; 0,0206]	0,0287 (0,004)	[0,0217; 0,0369]	0,32 (0,1)	[0,17; 0,48]
C10:0	0,1025 (0,037)	[0,0520; 0,1537]	0,1933 (0,032)	[0,1433; 0,2545]	0,34 (0,1)	[0,18; 0,51]
C12:0	0,1404 (0,052)	[0,0714; 0,2114]	0,2350 (0,043)	[0,1702; 0,3171]	0,37 (0,1)	[0,20; 0,54]
C14:0	0,5916 (0,233)	[0,3213; 1,0650]	0,8008 (0,162)	[0,5038; 1,0330]	0,42 (0,1)	[0,25; 0,68]
C16:0	6,4563 (1,743)	[2,3970; 8,4250]	3,6920 (1,268)	[2,4380; 6,7810]	0,63 (0,1)	[0,27; 0,76]
C18:0	0,8888 (0,289)	[0,2915; 1,5410]	1,5140 (0,246)	[1,0380; 2,1590]	0,37 (0,1)	[0,12; 0,57]
C18:1 <i>trans</i> -11	0,0309 (0,015)	[0,0091; 0,0597]	0,0797 (0,016)	[0,0434; 0,1008]	0,28 (0,1)	[0,09; 0,57]
C18:1 <i>cis</i> -9	4,4835 (1,718)	[1,4380; 7,8810]	7,5755 (1,685)	[4,4010; 10,3800]	0,37 (0,1)	[0,14; 0,62]
CLA	0,0021 (0,001)	[0,0007; 0,0040]	0,0020 (0,001)	[0,0010; 0,0030]	0,51 (0,2)	[0,21; 0,78]

¹CLA ²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Tabela 12– Médias *a posteriori*, desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) dos grupos de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC] ²	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
Grupos de ácidos graxos						
AGCC	0,4869 (0,166)	[0,1779; 0,7322]	0,8260 (0,145)	[0,5742; 1,0920]	0,37 (0,1)	[0,14; 0,53]
AGCM	8,5974 (2,507)	[2,5510; 11,7000]	10,5600 (1,897)	[7,3110; 14,9800]	0,44 (0,1)	[0,15; 0,60]
AGCL	9,1399 (2,888)	[2,2250; 13,7700]	9,3594 (2,881)	[6,3670; 15,6400]	0,49 (0,1)	[0,15; 0,67]
AGS	7,2026 (2,770)	[1,7520; 12,2800]	10,0370 (2,213)	[6,0320; 14,6100]	0,41 (0,1)	[0,12; 0,65]
AGI	6,3455 (1,635)	[2,5420; 10,0500]	8,0655 (1,590)	[4,5710; 10,7400]	0,44 (0,1)	[0,22; 0,68]
AGM	4,9392 (1,725)	[2,0420; 9,1070]	8,4987 (1,719)	[4,7840; 10,8900]	0,37 (0,1)	[0,20; 0,68]
AGP	0,0917 (0,032)	[0,0337; 0,1570]	0,1247 (0,027)	[0,0724; 0,1789]	0,42 (0,1)	[0,18; 0,68]
AGCIL	0,0321 (0,008)	[0,0137; 0,0459]	0,0167 (0,007)	[0,0086; 0,0329]	0,66 (0,1)	[0,33; 0,84]
AGCIR	0,0369 (0,014)	[0,0112; 0,0640]	0,0793 (0,013)	[0,0519; 0,1060]	0,32 (0,1)	[0,10; 0,53]
ω -6 Cis	0,0536 (0,020)	[0,0170; 0,0916]	0,1003 (0,018)	[0,0656; 0,1348]	0,35 (0,1)	[0,12; 0,56]
ω -3 Cis	0,0027 (0,001)	[0,0012; 0,0041]	0,0025 (0,001)	[0,0014; 0,0037]	0,52 (0,1)	[0,26; 0,73]

¹AGCC= ácidos graxos de cadeia curta, AGCM= ácidos graxos de cadeia média, AGCL= ácidos graxos de cadeia longa, AGS= ácidos graxos saturados, AGI= ácidos graxos insaturados, AGM= ácidos graxos monoinsaturados, AGP= ácidos graxos poli-insaturados, AGCIL= ácidos graxos de cadeia ímpar e linear, AGCIR= ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada, ω -6 Cis= ácidos graxos ômega 6 de configuração cis, ω -3 Cis= ácidos graxos ômega 3 de configuração cis.

²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Tabela 13– Médias *a posteriori*, desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) dos índices de qualidade nutricional e insaturação da gordura do leite de vacas Gir

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC] ²	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
Índices de qualidade da gordura do leite						
$\omega 6/\omega 3$	0,1651 (0,084)	[0,0316; 0,3444]	0,5326 (0,081)	[0,3712; 0,6869]	0,23 (0,1)	[0,05; 0,46]
Índices de insaturação						
Índice C14:1	1,9568 (0,583)	[0,6998; 3,2260]	1,7827 (0,468)	[0,8938; 2,9550]	0,52 (0,1)	[0,21; 0,77]
Índice C16:1	0,9206 (0,323)	[0,3021; 1,3390]	0,6540 (0,224)	[0,3533; 1,1010]	0,57 (0,2)	[0,24; 0,79]
Índice C18:1	6,4679 (2,159)	[2,2340; 10,4800]	10,2350 (1,849)	[6,4130; 13,7300]	0,38 (0,1)	[0,15; 0,59]
Índice CLA	6,6018 (1,965)	[2,9920; 10,8000]	9,3318 (1,762)	[5,5860; 12,4200]	0,41 (0,1)	[0,23; 0,66]
IIT	8,2461 (2,976)	[3,1230; 14,8500]	12,5230 (2,637)	[6,3850; 16,9000]	0,39 (0,1)	[0,17; 0,69]

¹ $\omega 6/\omega 3$ = relação entre os ácidos graxos ômega6 e ômega3; índice C14:1= índice de insaturação (índice de atividade da enzima estearoil Co-A dessaturase 1) e IIT= índice de insaturação total.

²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Tabela 14– Médias *a posteriori* , desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) da produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e dos ácidos graxos individuais da gordura do leite de vacas Guzerá

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC ²]	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
PL305	143.090,00 (16.369,00)	[112500,00; 175700,00]	348.150,00 (12864,00)	[323600,00; 374000,00]	0,29 (0,03)	[0,23;0,35]
PG305	242,51 (42,16)	[164,20;326,50]	925,08 (41,04)	[846,80;1006,0]	0,21 (0,03)	[0,14;0,27]
Ácidos graxos individuais						
C4:0	0,0325 (0,016)	[0,0075; 0,0647]	0,0990 (0,015)	[0,0680; 0,1285]	0,24 (0,1)	[0,06; 0,46]
C8:0	0,0183 (0,005)	[0,0080; 0,0286]	0,0132 (0,004)	[0,0054; 0,0211]	0,58 (0,1)	[0,31; 0,84]
C10:0	0,1227 (0,031)	[0,0655; 0,1836]	0,0581 (0,023)	[0,0177; 0,1021]	0,67 (0,1)	[0,42; 0,91]
C12:0	0,1943 (0,043)	[0,1126; 0,2739]	0,0638 (0,031)	[0,0164; 0,1237]	0,75 (0,1)	[0,50; 0,94]
C14:0	0,4716 (0,157)	[0,1821; 0,7822]	0,3761 (0,123)	[0,1319; 0,6049]	0,55 (0,2)	[0,26; 0,84]
C16:0	2,2550 (0,881)	[0,7426; 4,0310]	3,0498 (0,741)	[1,6050; 4,4510]	0,42 (0,1)	[0,15; 0,70]
C18:0	1,5170 (0,474)	[0,6632; 2,4360]	0,9522 (0,365)	[0,2722; 1,6560]	0,61 (0,2)	[0,30; 0,89]
C18:1 <i>trans</i> -11	0,0399 (0,025)	[0,0052; 0,0923]	0,0783 (0,022)	[0,0310; 0,1145]	0,33 (0,2)	[0,05; 0,72]
C18:1 <i>cis</i> -9	2,8664 (1,088)	[0,9638; 4,9980]	3,0768 (0,876)	[1,3550; 4,7340]	0,48 (0,2)	[0,19; 0,77]
CLA	0,0122 (0,005)	[0,0023; 0,0219]	0,0160 (0,044)	[0,0072; 0,0244]	0,43 (0,2)	[0,10; 0,73]

¹CLA=ácido linoleico conjugado.

²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Tabela 15 – Médias *a posteriori*, desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) dos grupos de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Guzerá

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC ²]	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
Grupos de ácidos graxos						
AGCC	0,3408 (0,150)	[0,0911; 0,6352]	0,5818 (0,131)	[0,3196; 0,8256]	0,37 (0,1)	[0,11; 0,64]
AGCM	3,4889 (1,867)	[0,3444; 7,0270]	6,7156 (1,579)	[3,5810; 9,6580]	0,34 (0,2)	[0,05; 0,64]
AGCL	4,7567 (2,150)	[0,6009; 8,7500]	5,9152 (1,740)	[2,3710; 9,1670]	0,44 (0,2)	[0,08; 0,76]
AGS	3,4938 (1,520)	[0,8112; 6,4880]	5,7973 (1,290)	[3,2110; 8,3370]	0,37 (0,1)	[0,11; 0,65]
AGI	4,3440 (1,606)	[1,4650; 7,3740]	3,0161 (1,268)	[0,7397; 5,2450]	0,58 (0,2)	[0,25; 0,91]
AGM	2,9643 (1,536)	[0,4850; 5,9930]	3,7884 (1,254)	[1,1520; 5,9230]	0,43 (0,2)	[0,09; 0,81]
AGP	0,0361 (0,017)	[0,0037; 0,0680]	0,0444 (0,014)	[0,0179; 0,0710]	0,44 (0,2)	[0,07; 0,77]
AGCIL	0,0103 (0,005)	[0,0018; 0,0200]	0,0235 (0,004)	[0,0149; 0,0322]	0,30 (0,1)	[0,06; 0,55]
AGCIR	0,0249 (0,013)	[0,0051; 0,0495]	0,0708 (0,012)	[0,0472; 0,0935]	0,26 (0,1)	[0,06; 0,49]
ω -6 Cis	0,0108 (0,005)	[0,0019; 0,0211]	0,0196 (0,005)	[0,0107; 0,0283]	0,35 (0,2)	[0,07; 0,64]
ω -3 Cis	0,0031 (0,001)	[0,0009; 0,0048]	0,0016 (0,001)	[0,0005; 0,0034]	0,65 (0,2)	[0,25; 0,90]

¹AGCC= ácidos graxos de cadeia curta, AGCM= ácidos graxos de cadeia média, AGCL= ácidos graxos de cadeia longa, AGS= ácidos graxos saturados, AGI= ácidos graxos insaturados, AGM= ácidos graxos monoinsaturados, AGP= ácidos graxos poli-insaturados, AGCIL= ácidos graxos de cadeia ímpar e linear, AGCIR= ácidos graxos de cadeia ímpar e ramificada, ω -6 Cis= ácidos graxos ômega 6 de configuração cis, ω -3 Cis= ácidos graxos ômega 3 de configuração cis.

²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

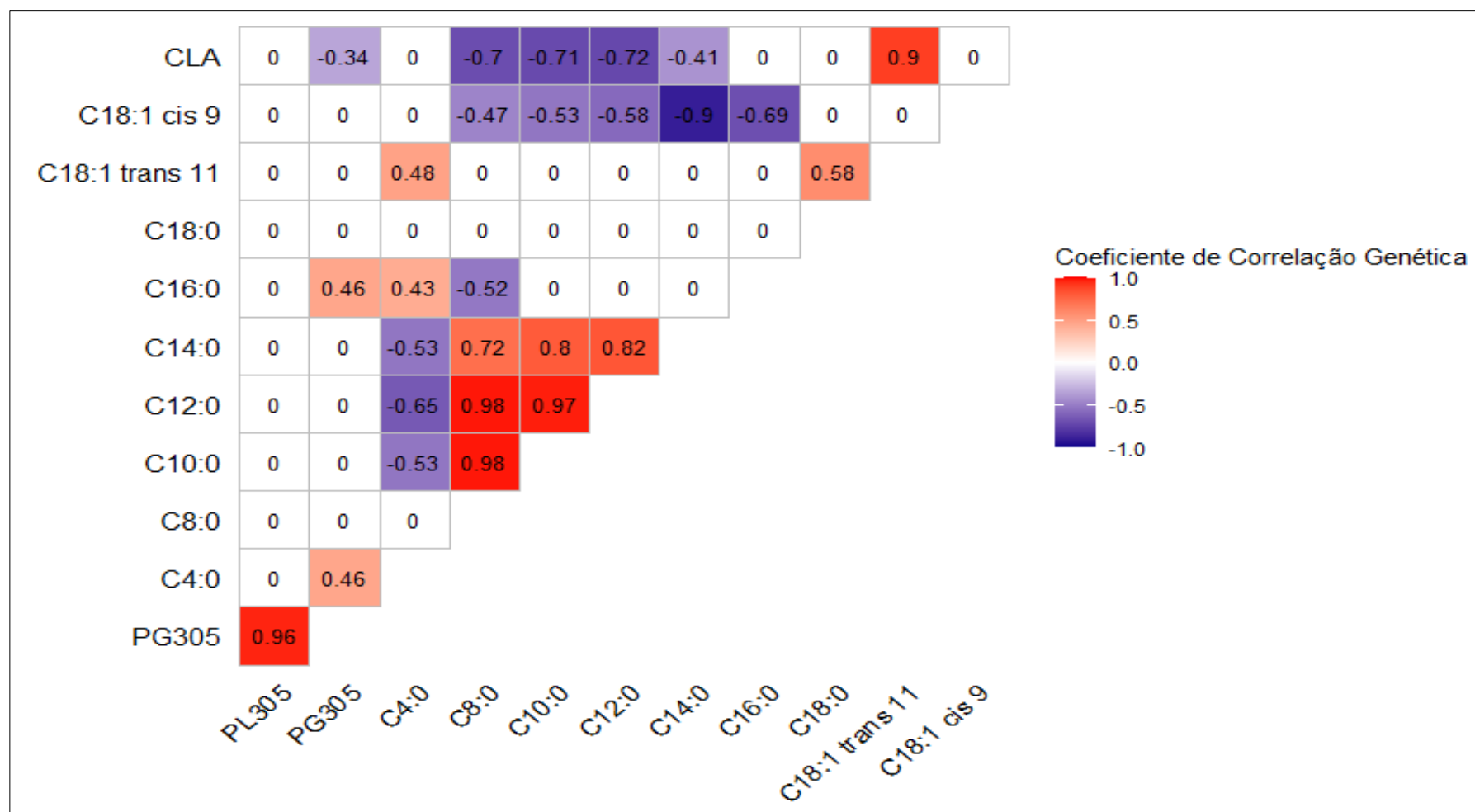
Tabela 16 – Médias *a posteriori*, desvio padrão *a posteriori* (DPP), intervalo de credibilidade (IC; 95%) das estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2) e herdabilidade (h^2) dos índices de qualidade nutricional e insaturação da gordura do leite de vacas Guzerá

Características ¹	σ_a^2		σ_e^2		h^2	
	Média (DPP)	[IC ²]	Média (DPP)	[IC]	Média (DPP)	[IC]
Índices de qualidade da gordura do leite						
ω_6/ω_3	0,0329 (0,029)	[0,0014; 0,0898]	0,1227 (0,025)	[0,0697; 0,1674]	0,21 (0,2)	[0,01; 0,53]
Índices de insaturação total						
Índice C14:1	2,5935 (0,784)	[1,1710; 4,1230]	1,1992 (0,595)	[0,1351; 2,2590]	0,68 (0,2)	[0,38; 0,96]
Índice C16:1	0,6899 (0,193)	[0,3116; 1,0560]	0,3259 (0,147)	[0,0626; 0,6114]	0,67 (0,2)	[0,38; 0,95]
Índice C18:1	9,6737 (3,170)	[3,3530; 15,3300]	5,2263 (2,478)	[0,9302; 9,9460]	0,64 (0,2)	[0,31; 0,95]
Índice CLA	8,3183 (2,789)	[3,1740; 13,8100]	4,5980 (2,142)	[0,7437; 8,4990]	0,64 (0,2)	[0,32; 0,95]
IIT	5,3284 (2,083)	[1,5150; 9,3560]	5,1575 (1,685)	[1,8050; 8,2540]	0,50 (0,2)	[0,19; 0,84]

¹ ω_6/ω_3 = relação entre os ácidos graxos ômega6 e ômega3; índice C14:1= índice de insaturação (índice de atividade da enzima estearoil Co-A dessaturase-1) e IIT= índice de insaturação total.

²Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Figura 3 - Médias *a posteriori* das estimativas dos coeficientes de correlação genética entre produção de leite (PL305), de gordura (PG305) e ácidos graxos individuais do leite de vacas Gir



Fonte: A autora.

2.5. DISCUSSÃO

2.5.1. Estatística descritiva

Estudos semelhantes, conduzidos com animais de raças zebuínas (*Bos indicus*), não foram encontrados na literatura consultada. Portanto, este pode ser considerado o primeiro estudo a realizar análise genética quantitativa do perfil de ácidos graxos de vacas zebuínas.

Alguns estudos com animais zebuínos demonstraram a capacidade desses animais produzirem leite com maior teor de gordura e acima dos teores encontrados em algumas raças taurinas (*Bos taurus*) (Acosta-Balcazar *et al.*, 2022; Madruga *et al.*, 2016; Sharma *et al.*, 2018), o que poderia repercutir também sobre o perfil de AG da gordura do leite (Samková *et al.*, 2012). De forma geral, os perfis de ácidos graxos do leite das vacas Gir e Guzerá foram semelhantes aos descritos para raças *Bos indicus* e *Bos taurus* em estudos que expressaram o perfil de AG em g/100 g de AG (Acosta-Balcazar *et al.*, 2022; Matosinho *et al.*, 2023; Pegolo *et al.*, 2016; Silva *et al.*, 2023).

Independentemente da raça, AG considerados bioativos, como o CLA (Gir= $0,77 \pm 0,3$; Guzerá= $0,92 \pm 0,4$), C18:1 *trans*-11 (Gir= $1,45 \pm 0,6$; Guzerá= $1,83 \pm 0,9$) e a classe dos ω -3 (Gir= $0,45 \pm 0,1$; Guzerá= $0,49 \pm 0,11$) encontrados neste estudo apresentaram concentrações ligeiramente superiores às observadas no estudo com a raça Pardo Suiço (CLA= 0,65 e C18:1 *trans*-11= 1,20) conduzido por Pegolo *et al.* (2016) e ao estudo de Silva *et al.* (2023) conduzido com a raça sintética Girolando (CLA= 0,75 e C18:1 *trans*-11= 1,34 e ω -3= 0,16). Apesar de serem encontrados em concentrações abaixo de 2 g /100 g de AG, esses AG podem exercer um impacto biológico significativo na saúde humana (Kratz *et al.*, 2013).

As médias das concentrações dos AG C18:0 e C18:1 *cis*-9 observadas neste estudo foram ligeiramente superiores em relação aos achados por Silva *et al.* (2023), que avaliaram o perfil de AG em animais Girolando aos 90 ± 15 dias de lactação. A maior concentração de C18:0 e C18:1 *cis*-9 na gordura do leite zebuíno pode ser decorrente da colheita das amostras em torno do pico de lactação, quando ocorre a expressão máxima dos fenótipos. Nesse período, porém, as vacas podem também estar em balanço energético negativo (BEN; Acosta-Balcazar *et al.*, 2022), o que aumentaria a mobilização de gordura corporal, fazendo com que mais C18:0 e C18:1 *cis*-9 fossem incorporados à gordura do leite, uma vez que, são os principais AG armazenados no tecido adiposo (Narayana *et al.*, 2017; Rodríguez-Bermúdez *et al.*, 2023). Outra explicação estaria relacionada à dieta fornecida as vacas Gir e Guzerá,

uma vez que 50,62 % (286) das vacas receberam dieta à base de pasto tropical e, dessas, 42,10 % (129) receberam também concentrado lipídico. Esse fato corresponde aos resultados de estudos que mostraram que vacas com dietas à pasto e com fontes de lipídios na dieta produzem um leite com maior concentração de AGCL e AGI, aumentando o valor biológico e nutricional do leite (Corazzin *et al.*, 2019; Plata-Pérez *et al.*, 2022; Rennó *et al.*, 2013; Samková *et al.*, 2021).

2.5.2 Herdabilidade

Ao se comparar resultados compilados em revisões de literatura feitas por Arnould e Soyeurt (2009), Samková *et al.* (2012), e uma meta-análise feita por Hossein-Zadeh (2021), pode-se considerar que não há consenso quanto ao fato de se obterem maiores estimativas de herdabilidade dos AG quando expressos em g /100 g de leite em relação a outras unidades de concentração. Contudo, as médias das estimativas de herdabilidade deste estudo foram superiores, ainda que as concentrações fossem expressas em g /100 g de AG, às obtidas aos estudos conduzidos por Bobbo, Penada e Cassandro (2020), Klein *et al.* (2021) e Penasa *et al.* (2015), que também expressaram o perfil de AG em g /100 g de leite.

A comparação de resultados de diferentes estudos é difícil em razão da diversidade interespecífica, da estrutura dos bancos de dados, do tamanho amostral utilizado, da precisão na condução dos experimentos, dos métodos de estimação (cromatografia gasosa-GC ou espectroscopia de infravermelho médio-MIR), da unidade de concentração atribuída aos AG (g /100 g de gordura, g /100 dL ou 100 g de leite, g/100 g de AG) e dos efeitos considerados nos modelos (Fleming *et al.*, 2018; Hossein-Zadeh, 2021; Lopez-Villalobos *et al.*, 2020), o que implica em grande diferença nas estimativas de herdabilidade encontradas nos vários estudos. Por esse motivo, optou-se, preferencialmente, por avaliar os resultados deste estudo à luz daqueles que expressaram os AG em g /100 g de AG e, apenas quando não foi possível, em função de alguma particularidade abordada neste estudo e não abordada em estudos similares, utilizaram-se informações de estudos em que as concentrações dos AG foram expressas em outras unidades de medida.

Uma maior amplitude do intervalo de credibilidade (IC) foi observada neste estudo, o que é reflexo da estrutura do banco de dados, pois havia número limitado de vacas com fenótipo para o perfil de AG, 299 animais da raça Gir e 266 da raça Guzerá. O número limitado de dados deste estudo pode ter contribuído para o

aumento na amplitude dos IC. Estudos que utilizaram um maior número de fenótipos apresentaram IC mais estreitos (Cecchinato *et al.*, 2019; Penasa *et al.*, 2015).

Para os AG individuais, as médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade são semelhantes às obtidas por Palombo *et al.* (2018) com raças taurinas, exceto para C12:0 na raça Guzerá, que se apresentou superior. Lopez-Villalobos *et al.* (2020), ao trabalharem com dados de mestiços Holandês x Jersey, encontraram estimativas de herdabilidades semelhantes às obtidas na raça Guzerá para C16:0, CLA, AGP e ácidos AGCL, e estimativas de herdabilidades semelhantes às encontradas na raça Gir para C8:0, C10:0 e C12:0. Independentemente da raça considerada neste estudo, as estimativas de herdabilidade foram menores para C18:0, ácidos AGI e a classe dos ω -3.

De acordo com Fleming *et al.* (2018), é previsto que os AGCC e AGCM sintetizados *de novo* na glândula mamária apresentem estimativas de herdabilidade superiores às dos ACGL, pois estes são principalmente oriundos da dieta, da biohidrogenação no rúmen e da mobilização do tecido adiposo (Bastin *et al.*, 2011). No entanto, no presente estudo, as estimativas *a posteriori* de herdabilidade foram semelhantes para esses grupos nas duas raças estudadas. As estimativas de herdabilidade encontradas para AGCL indicam que os processos de incorporação desses AG ao leite também está sob controle genético (Bastin *et al.*, 2011).

Era esperado que o grupo de AGS apresentassem herdabilidade superior aos AGI (Penasa *et al.*, 2015; Lopez-Villalobos *et al.*, 2020). Biologicamente, esse comportamento pode ser explicado pelo fato da maior parte dos AG sintetizados *de novo* na glândula mamária serem saturados (Chilliard *et al.*, 2000). Ao contrário do que foi encontrado por Penasa *et al.* (2015) e Lopez-Villalobos *et al.* (2020), neste trabalho o grupo de AGI apresentou estimativa de herdabilidade semelhante ao grupo dos AGS. Uma possível explicação para esses inesperados resultados seria que, neste estudo, as amostras individuais de leite foram colhidas em um único momento da lactação (em torno do pico), enquanto nos demais estudos foram colhidas várias amostras durante todo o período ou em período parcial da lactação (Bilal *et al.*, 2014; Hein *et al.*, 2018). A época em torno do pico de lactação foi escolhida para amostragem do perfil de AG pois presume-se que neste estágio da lactação todos os genes envolvidos nos processos de síntese da gordura láctea estejam expressos e, portanto, a expressão fenotípica das características seria máxima nesse período (Bionaz; Looor, 2007 e 2008).

A principal fonte de ácidos graxos de AGCIR na gordura do leite é proveniente da parede celular de bactérias ruminais. Com isso, espera-se que esse grupo esteja sob menor controle genético, apresentando assim herdabilidades menores (Dias *et al.*, 2019). Ao trabalharem com raças taurinas, Palombo *et al.* (2018) encontraram estimativas de herdabilidade semelhantes às obtidas no presente estudo para a raça Guzerá, para os ácidos graxos de AGCIL e AGCIR, e inferiores às encontradas na raça Gir para os AGCIL e o grupo dos ω -6 *cis*.

O índice de insaturação dos quatro principais pares de AG (produto e substrato) da enzima estearoil-CoA dessaturase 1 (SCD1), C14:0 e C14:1 *cis*-9, C16:0 e C16:1 *cis*-9, C18:0 e C18:1 *cis*-9, C18:1 *trans*-11 e CLA, também foi analisado, além do índice de insaturação total que envolve todos esses pares de AG. Esses pares foram estudados com o intuito de avaliar a atividade da enzima SCD1 na glândula mamária. Esperava-se que o índice C14:1 apresentasse maior herdabilidade em comparação com os outros índices de insaturação, pois diferentemente dos AGS incluídos nos índices, o C14:0 é quase que totalmente sintetizado *de novo* na glândula mamária e, conseqüentemente, todo o C14:1 é produzido por meio da ação da SCD1 (Bilal *et al.*, 2012; Pegolo *et al.*, 2016; Stoop *et al.*, 2008). No entanto, no presente estudo, independentemente da raça, as estimativas de herdabilidade obtidas para os índices de insaturação foram semelhantes. As herdabilidades dos índices de insaturação total (IIT), em ambas as raças, foram semelhantes às obtidas nos estudos conduzidos por Schennink *et al.* (2008) e Bilal *et al.* (2012). As herdabilidades moderadas a altas para os índices de insaturação sugerem que os índices podem ser alterados por meio de seleção.

De forma geral, a maioria dos AG individuais, grupos ou índices avaliados neste estudo apresentaram estimativas de herdabilidade de moderada a alta, indicando que a seleção genética direta para modificação da composição de AG pode ser eficaz para alterar a composição da gordura do leite com o objetivo de se obter um leite com melhor perfil nutricional para a saúde humana.

2.5.3 Correlações genéticas para produção de leite, de gordura e de ácidos graxos individuais

A correlação genética entre ácidos graxos da gordura do leite refere-se ao grau em que os fatores genéticos influenciam a presença e as proporções de diferentes ácidos graxos na gordura do leite. A partir dos resultados exibidos nas figuras 2 e 3,

observou-se que as correlações obtiveram comportamento diferente para as duas raças, que podem ser explicadas pelas diferenças evolutivas e intensidade de seleção artificial pelas quais passaram cada uma delas.

As correlações entre PL305 e os AG C8:0, C10:0, C12:0 e C14:0 na raça Guzerá foram negativas. Padrão semelhante foi observado em estudo conduzido com raças taurinas por Bastin *et al.* (2011) e Bobbo, Penasa e Cassandro (2020), mesmo medindo a concentração dos AG em g/ dL ou em g/100 g de leite e ao longo de todo o período de lactação, ao contrário do que foi realizado neste estudo, em que a concentração foi obtida em g/ 100 g de AG total e se realizou apenas uma coleta por animal em único momento da lactação. Esses resultados demonstram a ação antagônica que os genes envolvidos na produção de leite exercem sobre determinados AG, principalmente ácidos graxos de cadeia curta, que constituem substratos para os demais.

Na raça Gir, a PG305 foi correlacionada positivamente com C16:0. Esses resultados podem estar relacionados com o fato do C16:0 ser um dos AG mais abundantes na gordura do leite (Bilal *et al.*, 2014).

Conforme Soyeurt *et al.* (2007), as correlações genéticas espelham os processos fisiológicos envolvidos na síntese dos AG presentes na gordura do leite, sendo assim, podem ser interpretadas sob uma perspectiva biológica. Devido às diferentes origens dos AG, pode-se observar que, de modo geral, as correlações genéticas apresentaram direções diferentes quando foram correlacionados os AG que são sintetizados *de novo* na glândula mamária e os que são pré-formados e incorporados à gordura do leite (figura 3 e 4), tais como C8:0, que apresentou correlação positiva com os demais AG sintetizados *de novo* (10:0 a 14, em ambas as raças) e correlação negativa com C18:1 *cis*-9 e CLA na raça Gir e com C18:1 *trans*-11 e CLA na raça Guzerá, sendo que ambos são captados, em parte, da corrente sanguínea. Esses resultados sugerem que a seleção pode ser baseada em apenas um ácido graxo representativo do grupo de ácidos graxos sintetizados *de novo* ou dos ácidos graxos pré-formados. Ao se selecionar para uma menor concentração de um único ácido graxo saturado, seria possível aumentar a concentração de certos ácidos graxos insaturados específicos na gordura do leite, melhorando assim o perfil nutricional da gordura.

O C4:0, nas duas raças, foi correlacionado negativamente com os AG de cadeia curta e média (C10:0, C12:0, C14:0) e, positivamente, com os AG de cadeia longa

(C18:0, C18:1 *trans*-11 e C18:1 *cis*-9). Esse comportamento pode ser explicado pelo fato de que nem todo C4:0 é sintetizado por meio do processo de síntese *de novo* na glândula mamária, sendo parte deste captada pela glândula, via corrente sanguínea. Assim, quando há uma maior concentração de AGCL, esses são capazes de suprimir a expressão de genes chaves atuantes na síntese *de novo*, tais como acetil coenzima-A carboxilase alfa (ACAC α) e ácido graxo sintase (FASN), que são responsáveis por codificar enzimas centrais desse processo metabólico e, conseqüentemente, maiores serão as concentrações de C4:0 no leite, devido ao fato deste AG não ter sido utilizado como substrato na síntese *de novo* de AG (Bionaz; Loor, 2008; Dan *et al.*, 2018; Qui *et al.*, 2014; Stoop *et al.*, 2008).

De acordo com Tian *et al.* (2022), o processo de síntese da gordura do leite é complexo e dinâmico, pois envolve muitas enzimas chaves, proteínas e agentes regulatórios. O produto final do ciclo da síntese *de novo* é o AG C16:0. Contudo, por meio do processo de terminação, AG intermediários de cadeia curta e média são formados e incluídos na gordura do leite (Knutsen *et al.*, 2018). Esse pode ser um dos possíveis motivos pelo qual se observaram correlações genéticas altas entre os AG C8:0 a C14:0 nas duas raças estudadas, o que revela que grande parte dos genes que afetam na produção do C8:0 também afetam a produção do C14:0 por estarem inseridos na mesma via metabólica.

A correlação genética entre CLA (C18:2 *cis*-9 *trans*-11) e C18:1 *trans*-11, na raça Gir, foi positiva e alta (0,9). Baumam *et al.* (2006) relataram que a maior parte do CLA encontrado na gordura do leite de ruminantes é produzido predominantemente a partir de seu precursor C18:1 *trans*-11 na glândula mamária, por meio da dessaturação mediada pela enzima SCD1, o que explica os resultados obtidos no presente estudo. Na raça Guzerá o CLA apresentou correlação genética positiva e moderada com o C18:1 *cis*-9 (0,68), semelhante ao descrito por Bilal *et al.* (2014) em vacas Holandesas canadenses (0,62). Essa correlação reflete o modo comum de síntese desses dois AG que, em parte, são sintetizados na glândula mamária pela conversão de C18:0 em C18:1 *cis*-9 e de C18:1 *trans*-11 em CLA pela ação da enzima SCD1. Esses resultados demonstram que o gene responsável pela codificação dessa enzima (SCD1) atua da mesma forma sobre esses AG.

2.6. CONCLUSÕES

A variabilidade genética e estimativas de herdabilidade de moderadas a altas observadas no presente estudo indicam que o perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Gir e Guzerá pode ser selecionado para obtenção de um leite de melhor qualidade nutricional para consumo humano.

As correlações genéticas entre os ácidos graxos foram de moderadas a altas, em função de sua origem comum ou não, síntese *de novo* ou pré-formados.

As correlações genéticas de PL305 e PG305 com os ácidos graxos individuais na raça Gir, em sua maioria, foram nulas, o que sugere que a seleção para produção de leite ou gordura não afetaria o perfil de ácidos graxos da gordura do leite.

Para a raça Guzerá, as correlações genéticas estimadas sugerem que o aumento na produção de leite ou gordura pode afetar de forma negativa a composição dos ácidos graxos de cadeia curta e média.

Contudo, é recomendado ampliar a base de dados fenotípicos para determinar mais precisamente o potencial do melhoramento genético dessas características por meio de seleção nas raças Gir e Guzerá.

Declaração de Ética

Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética da Embrapa Gado de Leite sob o número de protocolo CEUA nº 11/2015.

REFERÊNCIAS

ABDOUL-AZIZ, S. K.; ZHANG, Y. E WANG, J. Milk odd and branched chain fatty acids in dairy cows: a review on dietary factors and its consequences on human health. **Animals**, v. 11, n. 11, 2021. DOI 10.3390/ani11113210. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34827941/>. Acesso em: 20 fev. 2023.

ACOSTA-BALCAZAR, I. C. *et al.* Effect of genotype, lactation and climatic factors on fatty acid profile of bovine milk. **Czech Journal of Animal Science**, v. 67, n. 5, p. 167-175, 2022. DOI 10.17221/32/2022-CJAS. Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/pdf/10.5555/20220244759>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BASTIN, C.; GENGLER N.; SOYEURT H. Phenotypic and genetic variability of production traits and milk fatty acid contents across days in milk for Walloon Holstein first-parity cows. **Journal of Dairy Science**, v. 94, p. 4152–4163, 2011. DOI 10.3168/jds.2010-4108. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030211004188>. Acesso em: 15 jan. 2023.

BAUMAN, D. E. *et al.* Major advances associated with the biosynthesis of milk. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 4, p. 1235-1243, 2006. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(06)72192-0. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16537956/>. Acesso em: 15 jan. 2023.

BILAL, G. *et al.* Short communication: estimates of heritabilities and genetic correlations among milk fatty acid unsaturation indices in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 12, p. 7367-7371, 2012. DOI 10.3168/jds.2012-5684. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030212006960>. Acesso em: 20 ev. 2023.

BILAL, G. *et al.* Short communication: Genetic parameters of individual fatty acids in milk of Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 2, p. 1150-1156, 2014. DOI 10.3168/jds.2012-6508. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030213008011>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BLAAK, E. E. *et al.* Short chain fatty acids in human gut and metabolic health. **Benef Microbes**, v. 11, n. 5, p. 411–455, 2020. DOI 10.3920/BM2020.0057. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32865024/>. Acesso em: 02 mar. 2023.

BOBBO, T.; PENASA, M.; CASSANDRO, M. Genetic parameters of bovine milk fatty acid profile, yield, composition, total and differential somatic cell count. **Animals**, v. 10, n. 12, 2020. DOI 10.3390/ani10122406. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7765606/>. Acesso em: 02 mar. 2023.

BOUWMAN, A. C. *et al.* Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. **BCM Genetics**, v. 12, n. 43, 2011. DOI 10.1186/1471-2156-12-43. Disponível em: <https://bmccgenomdata.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2156-12-43#citeas>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BRITO, L. C. *et al.* Genetic parameters for milk, growth, and reproductive traits in Guzará cattle under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, v. 52, n. 5, p. 2251-2257, 2020. DOI 10.1007/s11250-020-02255-0. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-020-02255-0>. Acesso em: 20 jan. 2023.

CARRARA, E R. *et al.* Genetic study of quantitative traits supports the use of Guzará as dual-purpose cattle. **Animal Bioscience**, v. 35, n. 7, p. 955-963, 2022. DOI 10.5713/ab.21.0458. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9271375/>. Acesso em: 15 mar. 2023.

CARVALHO, N. S. *et al.* Genetic parameters and genetic trends for production traits in dairy Gir cattle. **Ciência Rural**, v. 53, n. 11, 2023. DOI 10.1590/0103-8478cr20210541. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/QgcXbTWsvdLJwtGcB8r4b7B/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 09 fev. 2024.

CHEN, J.; LIU, H. Nutritional indices for assessing fatty acids: a mini-review.

International Journal of Molecular Sciences, v. 21, n. 16, 2020. DOI 10.3390/ijms21165695. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32784511/>. Acesso em: 10 mar. 2023.

CHILLIARD, Y. *et al.* Ruminant milk fat plasticity: Nutritional control of saturated, polyunsaturated, trans and conjugated fatty acids. **Annales de Zootechnie**, v. 49, p. 181-205, 2000. DOI 10.1051/animres:2000117.

CHOUINARD, P. Y. *et al.* Conjugated linoleic acids alter milk fatty acid composition and inhibit milk fat secretion in dairy cows. **The Journal of Nutrition**, v. 129, n. 8, p. 1579-1584, 1999. DOI 10.1093/jn/129.8.1579. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10419994/>. Acesso em: 10 mar. 2023.

CHRISTIE, W. W. A simple procedure for rapid transmethylaton of glycerolipids nd cholesteryl ester. **Journal of Lipid Research**, v. 23, p.1072- 1075,1982. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6897259/>. Acesso em: 10 mar. 2023.

CLAEYS, W. L. *et al.* Consumption of raw or heated milk from different species: An evaluation of the nutritional and potential health benefits. **Food Control**, v. 42, p. 188–201, 2014. DOI 10.1016/j.foodcont.2014.01.045. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0956713514000607>. Acesso em: 23 mar. 2023.

CONIGLIO, S.; SHUMSKAYA, M.; VASSILIOU, E. Unsaturated fatty acids and their immunomodulatory properties. **Biology**, v. 12, n. 279, 2023. DOI 10.3390/biology12020279. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2079-7737/12/2/279>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CORAZZIN M. *et al.* Fatty acid proiles of cow´s milk and cheese as affected by mountain pasture type and concentrate supplementation. **Animals**, v. 9, n. 2, 2019. DOI 10.3390/ani9020068. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6406273/#:~:text=In%20milk%2C%20the%20highest%20concentrate,these%20differences%20were%20markedly%20reduced>. Acesso em: 20 mar. 2023.

CRUZ-HERNANDEZ, C, *et al.* Evaluating the conjugated linoleic acid trans 18:1 isomers in milk fat dairy cows fed increasing amounts of sunflower oil and a constant level of fish oil. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p. 3786-3801, 2007. DOI 10.3168/jds.2006-698. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17638990/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

DAN, N. *et al.* Transcriptional regulation of milk lipid synthesis by exogenous C16:0 and C18 fatty acids in bovine mammary epithelial cells. **Canadian Journal o Animal Science**, v. 98, n. 2, p. 260-270, 2018. DOI 10.1139/cjas-2016-0188. Disponível em: <https://cdnscepub.com/doi/10.1139/cjas-2016-0188>. Acesso em: 20 mar. 2023.

DIAS, K.M. *et al.* Milk fatty acid composition of unsupplemented dairy cows grazing on a tropical pasture. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 48, n. e20190088, 2019. DOI 10.1590/rbz4820190088. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rbz/a/8HxSDywNCFN9gL4mgjKWpMx/?lang=en>. Acesso em: 20 mar. 2023.

DJORDJEVIC, J. *et al.* Fatty acid profile of milk. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, n. 333, 2019. DOI 10.1088/1755-1315/333/1/012057. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/333/1/012057/pdf#:~:text=Cow%20milk%20fat%20contains%20on,C10%3A0%2C%20respectively>. Acesso em: 20 mar. 2023.

DUQUE, A. C.A *et al.* Perfil de ácidos graxos do leite de vacas Holandês x Gir alimentadas com silagem de milho e concentrado contendo ou não glicerina bruta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 72, n. 1, p. 243-252, 2020. DOI 10.1590/1678-4162-11159. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/VkWL8RGj3HLg74mzLMVmxNK/?lang=pt>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FLEMING, A. *et al.* Genetic correlations of mid-infrared-predicted milk fatty acid groups with milk production traits. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 5, 2018. DOI 10.3168/jds.2017-14089. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203021830167X>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FREITAS, P. H. F. *et al.* Short communication: Time-dependent genetic parameters and single-step genome-wide association analyses for predicted milk fatty acid composition in Ayrshire and Jersey dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 6, 2020. DOI 10.3168/jds.2019-17820. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32307163/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

FREITAS, P. H. F. *et al.* Genomic analyses for predicted milk fatty acid composition throughout lactation in North American Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 7, p.6318-63331, 2020. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17628>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030220303623>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GARNSWORTHY, P. C *et al.* Short communication: Heritability of milk fatty acid composition and stearoyl-CoA desaturase indices in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 4, 2010. DOI 10.3168/jds.2009-2695. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210001499>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. 1991. DOI 10.1093/oso/9780198522669.003.0010. Disponível em: <https://academic.oup.com/book/54041/chapter-abstract/422209572?redirectedFrom=fulltext>. Acesso em: 10 fev 2023.

GÓMEZ-CORTÉS, P. *et al.* Milk fatty acids and potential health benefits: an updated vision. **Trend in Food Science & Technology**, v. 81, 2018. DOI 10.1016/j.tifs.2018.08.014. Disponível em: Grummer, R. R. Effect of feed on the composition of milk fat. *Journal of Dairy Science*, 74:3244–3257, 1991.

HEIN, L. *et al.* Genetic analysis of predicted fatty acid profiles of milk from Danish Holstein and Danish Jersey cattle populations. **Journal of Dairy Science**, v. 101, p. 2148–2157, 2018. DOI 10.3168/jds.2017-13225. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217311463>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HORTOLANI B. *et al.* Genetic parameters for body weight and milk production of dairy Gyr herds. **Tropical Animal Health and Production**, v. 54, n. 84, 2022. DOI 10.1007/s11250-022-03088-9. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-022-03088-9>. Acesso em: 20 mar. 2023.

KLEIN, S. L. *et al.* Single-step genomic best linear unbiased predictor genetic parameter estimations and genome-wide associations for milk fatty acid profiles, interval from calving to first insemination, and ketosis in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 104, n. 10, p. 10921-10933, 2021. DOI 10.3168/jds.2021-20416. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34334206/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

KRAG, K. *et al.* Genetic parameters for milk fatty acids in Danish Holstein cattle based on SNP markers using a Bayesian approach. **BCM Genetics**, v.14, n. 79, 2013. DOI 10.1186/1471-2156-14-79. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24024882/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

KRATZ, M.; BAARS, T.; GUYENET, S. The relationship between high-fat dairy consumption and obesity, cardiovascular, and metabolic disease. **European Journal of Nutrition**, v. 52, p. 1–24, 2013. DOI 10.1007/s00394-012-0418-1. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22810464/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LEGRAND, P.; RIOUX, V. Specific roles of saturated fatty acids: Beyond epidemiological data. **European Journal of Lipid Science and Technology**, 117: 1489–1499, 2015. DOI 10.1002/ejlt.201400514. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ejlt.201400514>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LOBOS-ORTEGA, I. *et al.* Determination of nutritional health indexes of fresh bovine milk using near infrared spectroscopy. **Grasas y Aceites**, v. 73, n. 2, 2022. DOI 10.3989/gya.0450211. Disponível em: [file:///C:/Users/alvim/Downloads/1933-Article%20Text%20in%20Microsoft%20Word%20or%20LibreOffice%20file%20\(needed\)-6770-1-10-20220613.pdf](file:///C:/Users/alvim/Downloads/1933-Article%20Text%20in%20Microsoft%20Word%20or%20LibreOffice%20file%20(needed)-6770-1-10-20220613.pdf). Acesso em: 20 mar. 2023.

LOPEZ-VILLALOBOS, N. *et al.* Genetic correlations of milk fatty acid contents predicted from milk mid-infrared spectra in New Zealand dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, p. 7238–7248, 2020. DOI 10.3168/jds.2019-17971. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030220304458>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MADRUGA, R. C. *et al.* Evaluation of the quality of tank milk for herds of Guzerat and F1 Guzolando cross. **Livestock Research or Rural Development**, v. 28, n. 8, 2016. Disponível em: <https://www.lrrd.org/lrrd28/8/madr28140.html>. Acesso em: 08 fev. 2023.

MARKIEWICZ-KESZYCKA, M. *et al.* Fatty acid profile of milk – A review. **Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy**, v. 57, p. 135-139, 2013. DOI 10.2478/bvip-2013-0026. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/259495733_Fatty_Acid_Profile_of_Milk_-_A_Review. Acesso em: 20 mar. 2023.

MATOSINHO, C. G.R. *et al.* Phenotypic variation in milk fatty acid composition and its association with stearoyl-CoA desaturase 1 (SCD1) gene polymorphisms in Gir cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 40, n. 5, p. 532-548, 2023. DOI 10.1111/jbg.12777. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jbg.12777>. Acesso em: 20 mar. 2024.

MELE, M. *et al.* Stearoyl-coenzyme A desaturase gene polymorphism and milk fatty acid composition in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p. 4458–4465, 2007. DOI 10.3168/jds.2006-617. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030207719082>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MIERLITĂ, D. Effects of diets containing hemp seeds or hemp cake on fatty acid composition and oxidative stability of sheep milk. **South African Journal of Animal Science**, v. 48, p. 504–515, 2018. DOI 10.4314/sajas.v48i3.11. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/172390>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MISZTAL, I. *et al.* Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, 2014. Disponível em: https://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/docs/blupf90_all8.pdf. Acesso em: 20 mar. 2023

NANTAPO, C. T.W.; MUCHENJE, V. E HUGO, A. Atherogenicity index and health-related fatty acids in different stages of lactation from Friesian, Jersey and Friesian x Jersey cross cow milk under a pasture-based dairy system. **Food Chemistry**, 146:127-133, 2014. DOI 10.1016/j.foodchem.2013.09.009. Disponível em: <https://europepmc.org/article/med/24176323>. Acesso em: 20 mar. 2023

NARAYANA, S.G. *et al.* Genetic analysis of groups of mid-infrared predicted fatty acids in milk. **Journal of Dairy Science**, v. 100, p. 4731–4744, 2017. DOI 10.3168/jds.2016-12244. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28342614/>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PAIVA, J. T. *et al.* Genetic parameters, genome-wide association and gene networks for milk and reproductive traits in Guzera cattle. **Livestock Science**, n. 242, 2020. DOI 10.1016/j.livsci.2020.104273. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141320304510>. Acesso em: 10 abr. 2023.

PALOMBO, V. *et al.* Genome-wide association study of milk fatty acid composition in Italian Simmental and Italian Holstein cows using single nucleotide polymorphism arrays. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 12, 2018. DOI 10.3168/jds.2018-14413. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30243637/>. Acesso em: 15 fev. 2023.

PARK, C. H. *et al.* Genetic parameters for milk fatty acid composition of Holstein in Korea. **Animal Breeding and Genetics**, v. 33, n. 10, p. 1573-1578, 2020. DOI 10.5713/ajas.19.0820. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7463073/>. Acesso em: 15 fev. 2023.

PEGOLO, S. *et al.* Genetic and environmental relationships of detailed milk fatty acids profile determined by gas chromatography in Brown Swiss cows. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 2, p. 1315-1330, 2016. DOI 10.3168/jds.2015-9596. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26709183/>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PEIXOTO, M. G. C. D. *et al.* Genetic diversity and population genetic structure of a Guzerá (*Bos indicus*) meta-population. **Animals**, v.11, n. 14, p. 1125, 2021. DOI 10.3390/ani11041125. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/225142/1/Genetic-diversity.pdf>. Acesso em: 10 jan. 2023.

PEIXOTO, M. G. C. D. *et al.* The contribution of a MOET nucleus scheme for the improvement of Guzerá (*Bos indicus*) cattle for milk traits in Brazil. **Frontiers in Genetics**, v. 13, n. 982858, 2022. DOI 10.3389/fgene.2022.982858. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1148200/1/The-contribution-of-a-MOET-nucleus-scheme-for-the-improvement-of-Guzera.pdf>. Acesso em: 08 abr. 2023.

PENASA, M. *et al.* Genetics of milk fatty acid groups predicted during routine data recording in Holstein dairy cattle. **Livestock Science**, v. 173, p.9-13, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.12.014>. Acesso em: 08 abr. 2023.

PLATA-PÉREZ, G. *et al.* Oilseed supplementation improves milk composition and fatty acid profile of cow milk: a meta-analysis and meta-regression. **Animals**, 12(13):1642, 2022. DOI 10.3390/ani12131642. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/12/13/1642>. Acesso em: 08 abr. 2023.

PRATA, M. A. *et al.* Genetic parameters of milk production traits and breeding goals for Gir dairy cattle in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, 14(4):12585-12594, 2015. DOI 10.4238/2015.October.19.2. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26505409/>. Acesso em: 08 abr. 2023.

QI, L. *et al.* Effects of saturated long-chain fatty acid on mRNA expression of genes associated with milk fat and protein biosynthesis in bovine mammary epithelial cells. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v. 27, n. 3, p. 414-421, 2014. DOI 10.5713/ajas.2013.13499. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4093270/>. Acesso em: 20 abr. 2023.

RAN-RESSLER, R. R. *et al.* Branched chain fatty acid content of United States Retail cow's milk and implications for dietary intake. **Lipids**, v. 46, p. 569-576, 2011. DOI 10.1007/s11745-011-3530-8. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3107348/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

RENNÓ, F.P. *et al.* Fatty acid profile and composition of milk protein fraction in dairy cows fed long-chain unsaturated fatty acids during the transition period. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 11, p. 813-823, 2013. DOI 10.1590/S1516-35982013001100008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/cZKWns3XXkhV8SJD6NMqmZd/?lang=en>. Acesso em: 23 fev. 2024.

RODRÍGUEZ-BERMÚDEZ, R. F. *et al.* Factors affecting fatty acids composition of Holstein cow's milk. **Animals**, v. 13, n. 4, 2023. DOI 10.3390/ani13040574. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36830361/>. Acesso em: 23 fev. 2024.

ROOPASHREE, P. G., SHETTY, S. S. E KUMARI, N. S. Effect of medium chain fatty acid in human health and disease. **Journal of Functional Foods**, v. 87, n. 104724, 2021. DOI 10.1016/j.jff.2021.104724. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S175646462100373X#:~:text=Medium%2Dchain%20fatty%20acids%20also,the%20glucose%20and%20lipid%20metabolism>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SAMKOVÁ, E. *et al.* Associations among farm, breed, lactation stage and parity, gene polymorphisms and the fatty acid profile of milk from Holstein, Simmental and Their Crosses. **Animals**, v. 11, n. 3284, 2021. DOI 10.3390/ani11113284. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/11/11/3284>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SAMKOVA, E. *et al.* Animal factors affecting fatty acid composition of cow milk fat: A review. **South African Journal Animal Science**, v. 42, p.83–100, 2012. Disponível em: https://www.scielo.org.za/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-15892012000200001. Acesso em: 23 fev. 2023.

SANTOS-SILVA, J.; MENDES, I.A.; BESSA, R.J.B. The effect of genotype, feeding system and slaughter weight on the quality of light lambs—1. Growth, carcass composition and meat quality. **Livestock Production Science**, v. 76, n. 17–25, 2002. DOI 10.1016/S0301-6226(01)00334-7. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0301622601003347>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SCHENNINK, A. *et al.* Milk fatty acid unsaturation: genetic parameters and effects of Stearoyl-CoA Desaturase (SCD) and Acyl CoA: Diacylglycerol Acyltransferase 1 (DGAT1). **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 2135-2143, 2008. DOI 10.3168/jds.2007-0825. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18420645/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SHARMA, R. *et al.* Comparative milk metabolite profiling or exploring superiority of indigenous Indian cow milk over exotic and crossbred counterparts. **Journal of Food**

Science and Technology, v. 55, p. 4232-4243, 2018. DOI 10.1007/s13197-018-3360-2. Disponível em: [https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30228422/#:~:text=Milk%20of%20indigenous%20cattle%20maintained,polyunsaturated%20fatty%20acids%20\(7.2%25\)](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30228422/#:~:text=Milk%20of%20indigenous%20cattle%20maintained,polyunsaturated%20fatty%20acids%20(7.2%25)). Acesso em: 23 fev. 2023.

SILVA, B. C. *et al.* Milk fatty acid profile of Holstein x Gyr cows on “Marandu” grass pasture under diferente grazing strategies. **Animal Science**, v. 52, n. 8, p. 652-662, 2017. DOI 10.1590/S0100-204X2017000800011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/9XPx4X7ZjYwXXzt7YZgzxMR/?lang=en>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SILVA, B. C. M. *et al.* Fatty acid composition of milk from Holstein x Gir cows grazing on Marandu grass supplemented with concentrate containing sunlower. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 39, n. 6, p. 2581-2596, 2018. DOI: 10.5433/1679-359.2018v39n6p2581. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1101915>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SILVA, C.S. *et al.* Nutritional quality of milk fat from cows fed full-fat corn germ in diets containing cactus opuntia and sugarcane bagasse as forage sources. **Animals**, v. 13, n. 4, 2023. DOI 10.3390/ani13040568. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/13/4/568>. Acesso em: 23 fev. 2023.

SILVA, R. P. A. Genetic parameters for somatic cell count (SCC) and milk production traits of Guzerá cows using data normalized by diferent procedures. **Tropical Animal Health and Production**, 52:2513-2522, 2020. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02277-8>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32394357/>. Acesso em: 23 abr. 2023.

SMITH, B. J. boa: An R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 11, p. 1–37, 2007. DOI 10.18637/jss.v021.i11. Disponível em: <https://www.jstatsoft.org/article/view/v021i11>. Acesso em: 23 abr. 2023.

SOUZA, N. E.; MATSUSHITA, M.; VISENTAINER, J. V. Ácidos graxos: estrutura, classificação, nutrição e saúde. **Arquivo da Apadec**, v. 2, n. 2, 1998.

STOOP, W.M. *et al.* Genetic parameters for major milk fatty acids and milk production traits of Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 385-394, 2008. DOI 10.3168/jds.2007-0181. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18096963/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

TAORMINA, V. M. *et al.* Branched-Chain Fatty Acids- An underexplored class of dairy- Derived fatty acids. **Nutrients**, v. 12, n. 2875, 2020. DOI 10.3390/nu12092875. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7551613/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

ULBRICHT, T.; SOUTHGATE, D. Coronary heart disease: seven dietary factors. **Lancet**, v. 338, n. 985-992, 1991. DOI 10.1016/0140-6736(91)91846-m. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1681350/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

WOLFF, R.; BAYARD, C.C.; FABIEN, R.J. Evaluation of sequential methods for the determination of butterfat fatty acid composition with emphasis on trans-18:1 acids. Application to the study of seasonal variations in french butters. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 72, n. 12, p. 1471-1483, 1995. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF02577840>. Acesso em: 23 fev. 2023.

APÊNDICE A – Estimativas das herdabilidades dos ácidos graxos na literatura

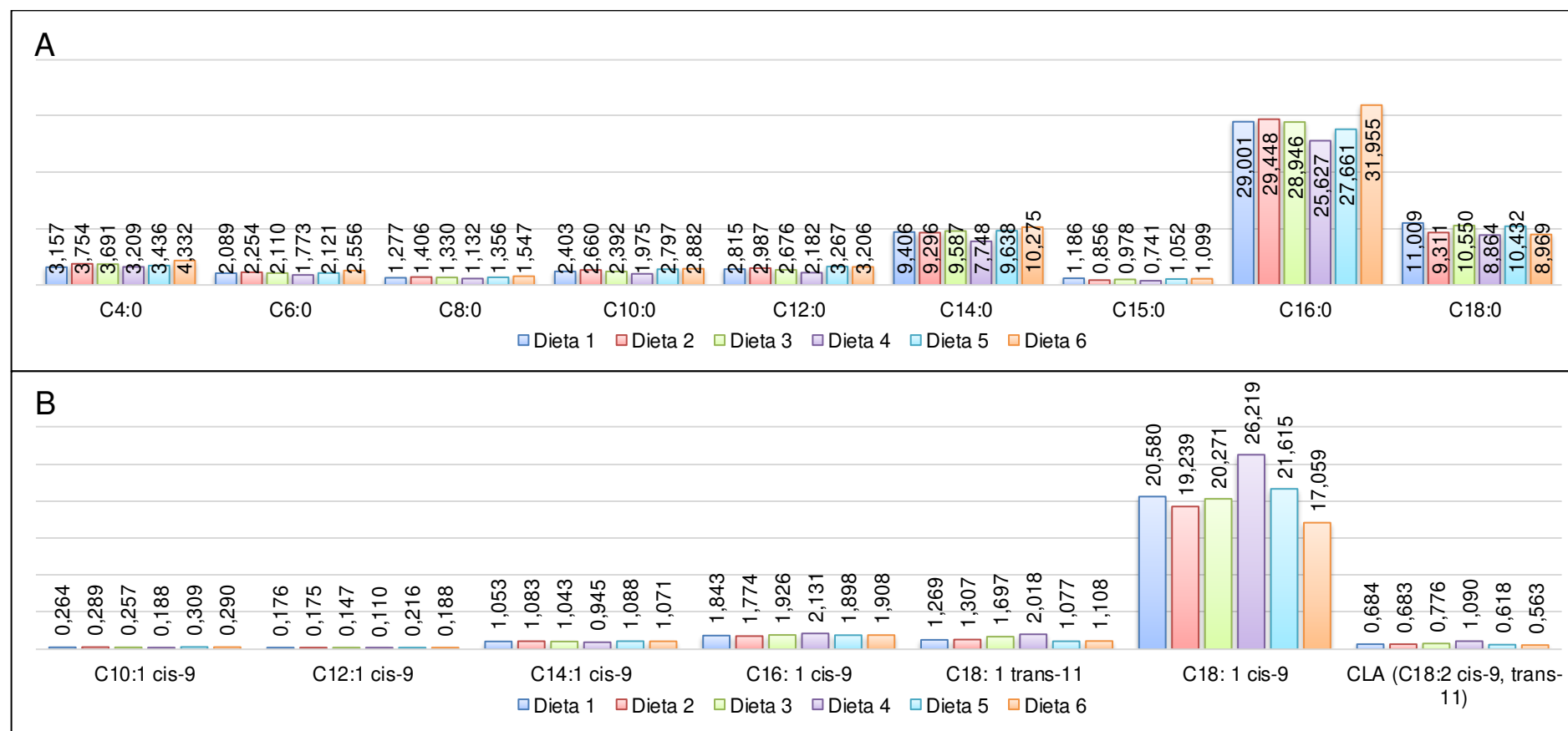
Tabela 1 - Estimativas das herdabilidades dos principais ácidos graxos associados à saúde humana encontrados na literatura

Ácido graxo	Soyeurt <i>et al.</i> (2007) 7 raças	Bobe <i>et al.</i> (2008) ¹ Holandesa (N=592)	Stoop <i>et al.</i> (2008) ² Holandesa (N=1.918)	Mele <i>et al.</i> (2009) ³ Holandesa (N=990)	Bilal <i>et al.</i> (2014) ⁴ Holandesa (n=2.573)	Pegolo <i>et al.</i> (2016) ⁴ Pardo Suíço (N=1.158)	Palombo <i>et al.</i> (2018) ⁴		Bobbo <i>et al.</i> (2020) ⁵ Holandesa (25.407)
							Simental (N=416)	Holandesa (N436)	
C4:0	-	0,01	0,46	-	0,08	0,03	0,40	0,37	-
C8:0	-	0,37	0,61	-	0,24	0,12	0,21	0,44	-
C10:0	-	0,40	0,71	-	0,34	0,20	0,22	0,42	-
C12:0	0,09	0,36	0,63	-	0,31	0,24	0,24	0,25	-
C14:0	0,19	0,18	0,59	0,07	0,19	0,09	0,24	0,40	0,21
C16:0	0,20	0,20	0,43	0,03	0,18	0,25	0,13	0,37	0,21
C18:0	0,28	-	0,23	0,08	0,16	0,22	0,44	0,36	0,08
C18:1 t11	-	-	0,28	0,12	0,03	0,07	0,27	0,02	-
C18:1 c9	0,15	0,25	0,25	0,17	0,20	0,09	0,03	0,37	0,07
CLA	-	0,27	0,42	0,12	0,07	0,07	-	-	-

Concentração:¹ em leite (g/L); ² concentração peso; ³ g/100 g de lipídeos totais; ⁴g/100 g de ácidos graxos totais;⁵ g/100 g de leite
CLA=ácido linoleico conjugado.

APÊNDICE B- Gráficos das distribuições dos ácidos graxos (AG), de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir e Guzerá utilizadas neste estudo

Gráfico 1- Distribuição dos ácidos graxos saturados (A) e insaturados (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir



Fonte: A autora.

Gráfico 2 - Distribuição dos grupos de ácidos graxos (A) e índices de insaturação (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Gir

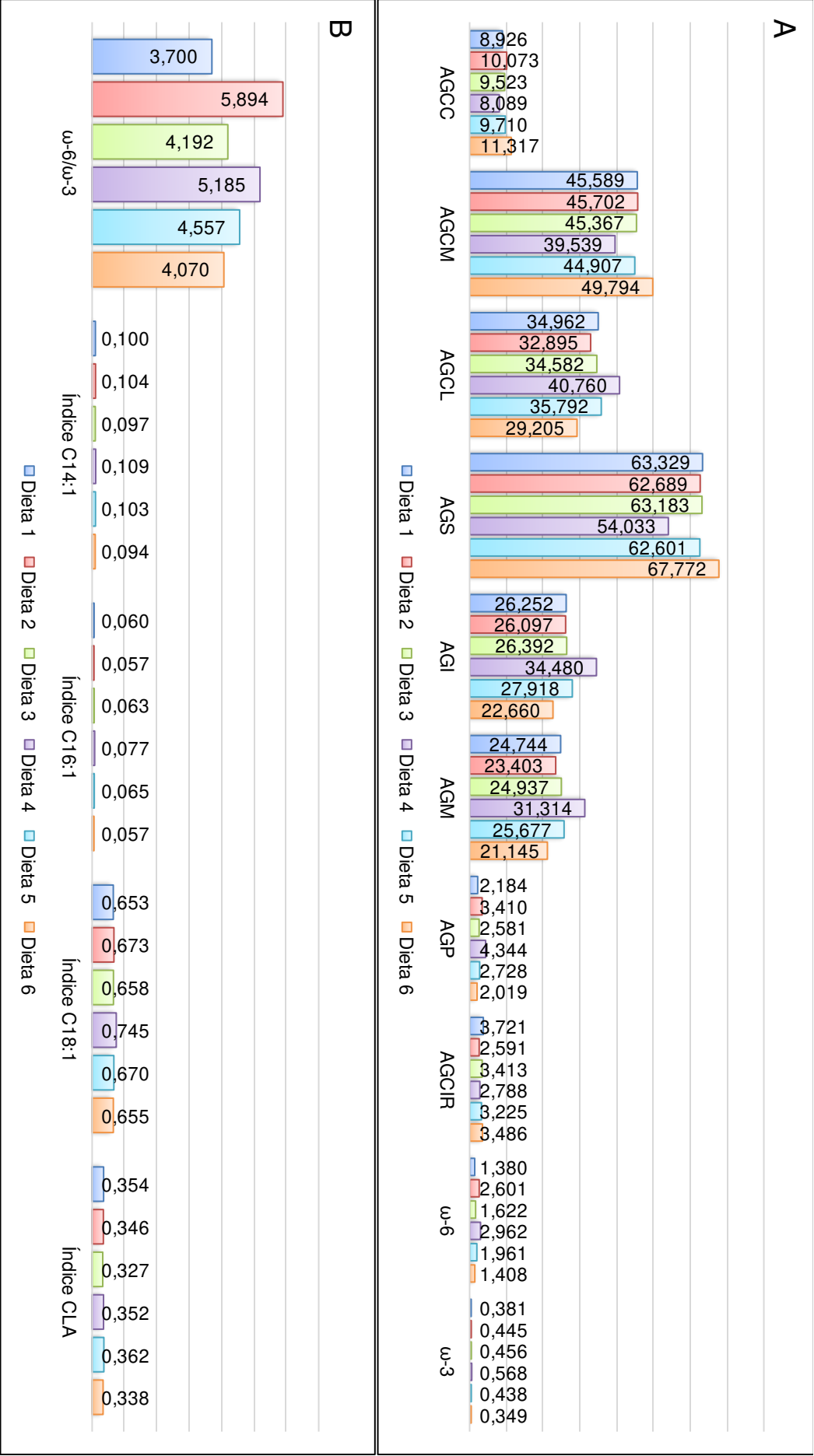
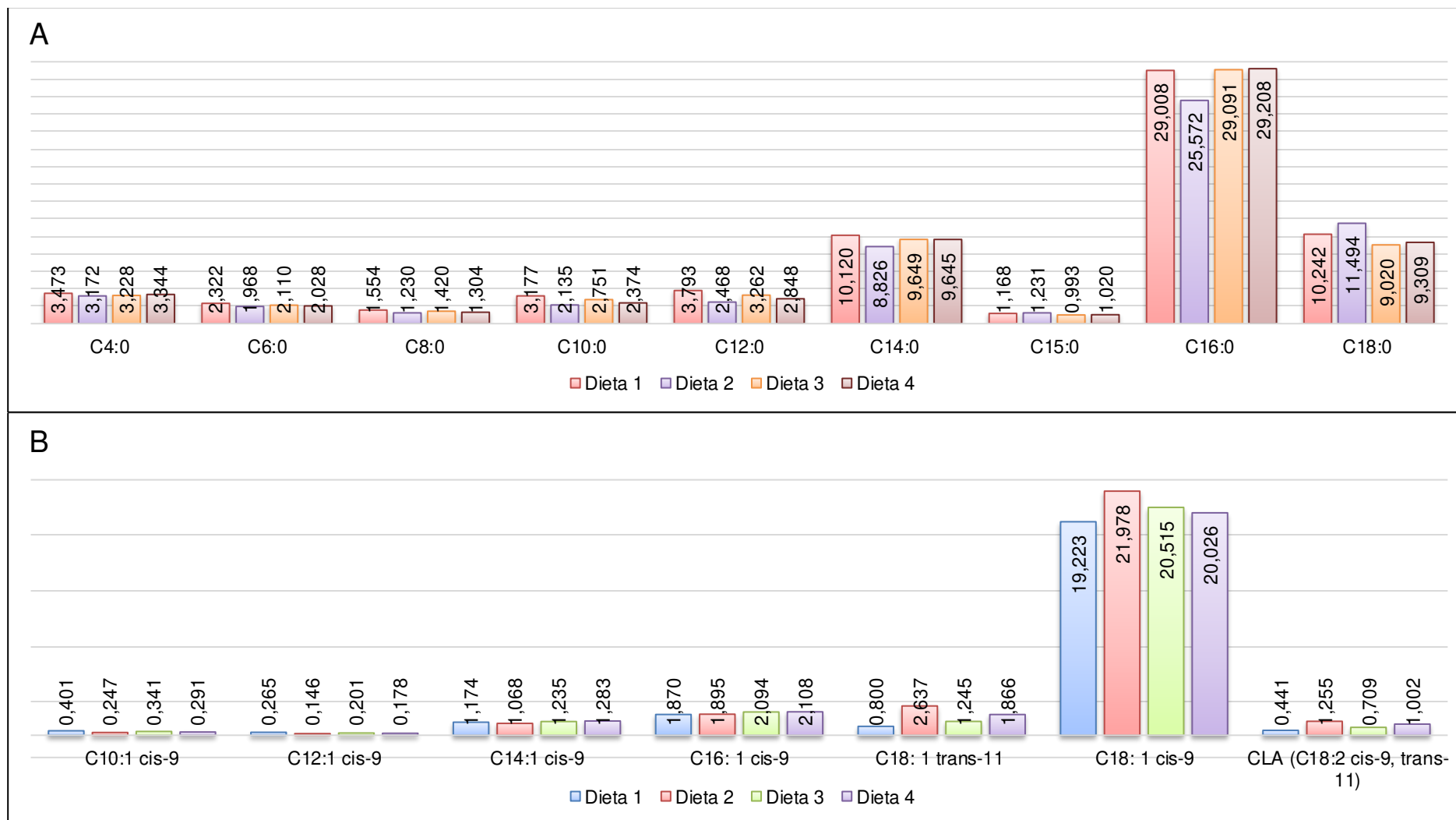
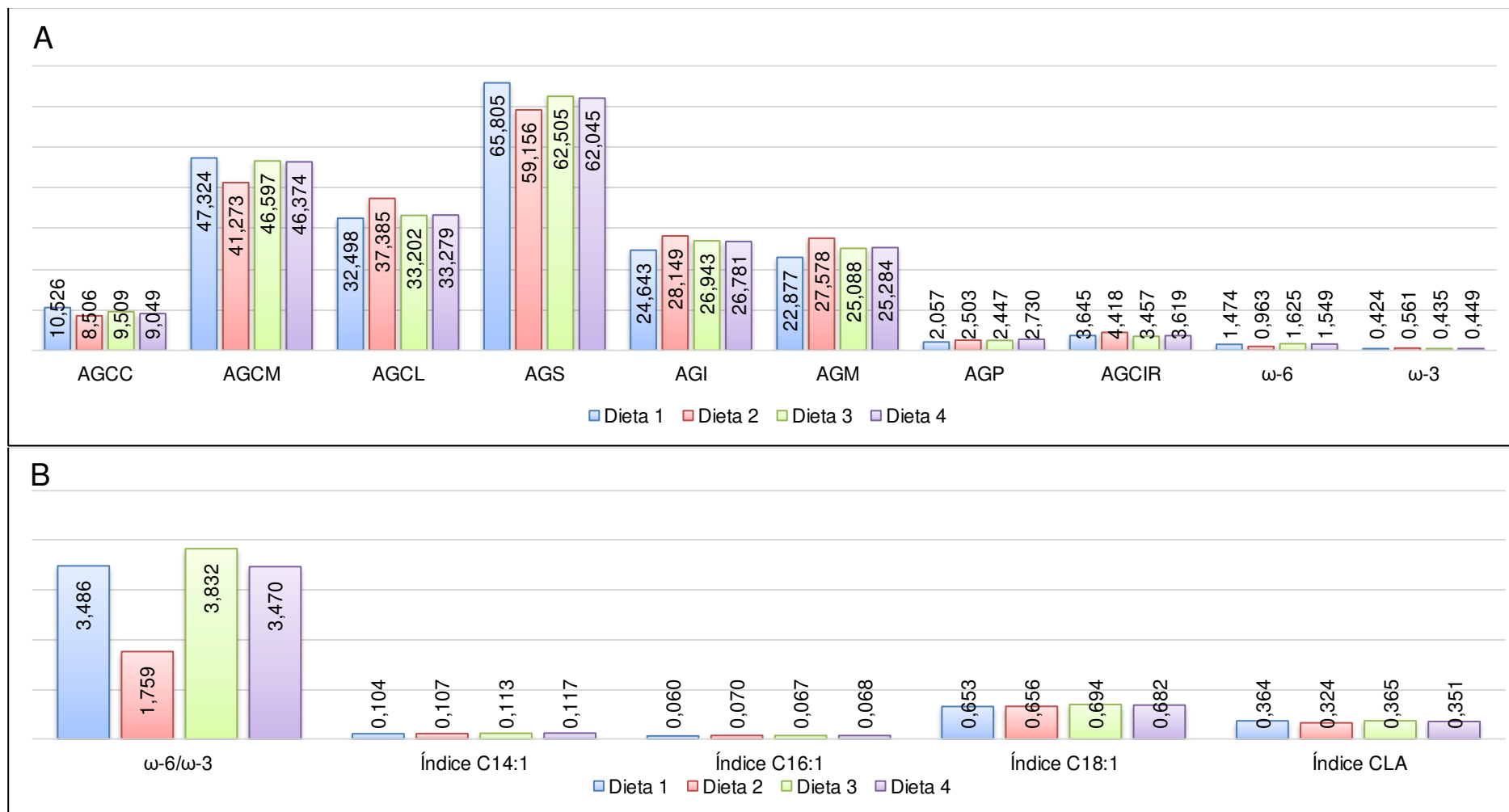


Gráfico 3 - Distribuição dos ácidos graxos saturados (A) e insaturados (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Guzera



Fonte: A autora.

Gráfico 4- Distribuição dos grupos de ácidos graxos (A) e índices de insaturação (B) em g/100 g de AG totais, de acordo com as dietas fornecidas às vacas Guzará



Fonte: A autora.

APÊNDICE C – Tabelas completas das médias *a posteriori* das estimativas de correlações genéticas

Tabela 1– Médias *a posteriori* das estimativas de correlação genética entre o perfil de ácidos graxos e produção de leite ($r_{G-PL305}$), produção de gordura (r_{G-G305}) de vacas Gir e Guzerá

Características	PL305		PG305	
	Média (DPP)	[IC ¹]	Média (DPP)	[IC]
Gir				
C4:0	0,18 (0,2)	[-0,17; 0,54]	0,46 (0,2)	[0,11; 0,75]
C8:0	0,07 (0,1)	[-0,16; 0,32]	0,37 (0,2)	[-0,27; 0,65]
C10:0	0,04 (0,1)	[-0,17; 0,31]	0,32 (0,2)	[-0,31; 0,62]
C12:0	0,06 (0,1)	[-0,16; 0,32]	0,33 (0,2)	[-0,30; 0,62]
C14:0	0,03 (0,1)	[-0,24; 0,24]	0,19 (0,3)	[-0,42; 0,54]
C16:0	0,20 (0,1)	[-0,09; 0,37]	0,46 (0,2)	[0,05; 0,70]
C18:0	-0,22 (0,1)	[-0,45; 0,05]	-0,26 (0,2)	[-0,58; 0,24]
C18:1 <i>trans</i> -11	0,06 (0,2)	[-0,27; 0,40]	0,01 (0,3)	[-0,52; 0,54]
C18:1 <i>cis</i> -9	0,02 (0,2)	[-0,32; 0,39]	-0,07 (0,3)	[-0,48; 0,39]
CLA	0,07 (0,2)	[-0,22; 0,42]	-0,34 (0,2)	[-0,65; -0,05]
Guzerá				
C4:0	0,17 (0,3)	[-0,38; 0,69]	0,20 (0,3)	[-0,36; 0,79]
C8:0	-0,34 (0,2)	[-0,67; -0,00]	-0,36 (0,2)	[-0,76; 0,03]
C10:0	-0,43 (0,2)	[-0,74; -0,12]	-0,42 (0,2)	[-0,79; -0,06]
C12:0	-0,47 (0,2)	[-0,76; -0,13]	-0,43 (0,2)	[-0,80; -0,04]
C14:0	-0,46 (0,2)	[-0,84; -0,08]	-0,49 (0,2)	[-0,91; -0,09]
C16:0	0,02 (0,2)	[-0,41; 0,48]	0,12 (0,3)	[-0,36; 0,64]
C18:0	0,38 (0,2)	[0,02; 0,72]	0,29 (0,2)	[-0,13; 0,71]
C18:1 <i>trans</i> -11	0,18 (0,3)	[-0,36; 0,71]	0,24 (0,2)	[-0,26; 0,73]
C18:1 <i>cis</i> -9	0,28 (0,2)	[-0,15; 0,68]	0,31 (0,2)	[-0,15; 0,79]
CLA	0,05 (0,2)	[-0,41; 0,55]	-0,08 (0,3)	[-0,63; 0,54]

¹Limites inferior e superior do IC de 95% do intervalo de confiança a 95% de probabilidade

Tabela 2 - Médias *a posteriori* das estimativas de correlação genética, desvio padrão *a posteriori* e intervalo de credibilidade dos ácidos graxos individuais de vacas Gir

Ácido graxo	C8:0	C10:0	C12:0	C14:0	C16:0	C18:0	C18:1 trans-11	C18:1 cis-9	CLA ¹
C4:0	-0,34 (0,3) [-0,90; 0,18]	-0,53 (0,2) [-0,95; -0,13]	-0,65 (0,2) [-0,97; -0,24]	-0,53 (0,2) [-0,93; -0,14]	0,43 (0,2) [0,09; 0,79]	-0,52 (0,4) [-0,99; 0,28]	0,48 (0,3) [0,02; 0,96]	-0,08 (0,3) [-0,55; 0,52]	0,23 (0,4) [-0,41; 0,95]
C8:0		0,98 (0,0) [0,96; 1,00]	0,98 (0,0) [0,94; 1,00]	0,72 (0,2) [0,37; 0,97]	-0,52 (0,2) [-0,89; -0,13]	-0,27 (0,3) [-0,74; 0,35]	-0,42 (0,3) [-0,83; 0,20]	-0,47 (0,2) [-0,81; -0,07]	-0,70 (0,3) [-0,98; -0,10]
C10:0			0,97 (0,0) [0,95; 0,99]	0,80 (0,1) [0,53; 0,99]	-0,26 (0,2) [-0,69; 0,15]	-0,22 (0,2) [-0,62; 0,17]	-0,39 (0,3) [-0,84; 0,35]	-0,53 (0,2) [-0,84; -0,16]	-0,71 (0,1) [-0,92; -0,51]
C12:0				0,82 (0,1) [0,57; 0,98]	-0,32 (0,2) [-0,73; 0,07]	-0,27 (0,2) [-0,62; 0,05]	-0,39 (0,4) [-0,92; 0,37]	-0,58 (0,2) [-0,88; -0,29]	-0,72 (0,1) [-0,95; -0,43]
C14:0					-0,32 (0,4) [-0,90; 0,36]	-0,04 (0,1) [-0,45; 0,35]	-0,12 (0,5) [-1; 0,51]	-0,90 (0,0) [-0,98; -0,80]	-0,41 (0,1) [-0,69; -0,10]
C16:0						-0,22 (0,7) [-1; 0,87]	-0,07 (0,3) [-0,60; 0,44]	-0,69 (0,1) [-0,92; -0,37]	0,16 (0,6) [-0,75; 0,99]
C18:0							0,58 (0,2) [0,28; 0,89]	-0,34 (0,5) [-0,98; 0,43]	-0,43 (0,3) [-0,85; 0,06]
C18:1 trans-11								-0,40 (0,3) [-0,84; 0,12]	0,90 (0,1) [0,58; 0,99]
C18:1 cis-9									-0,36 (0,4) [-0,95; 0,35]

¹CLA=ácido linoleico conjugado.

Tabela 3- Médias *a posteriori* das estimativas de correlação genética, desvio padrão *a posteriori* e intervalo de credibilidade dos ácidos graxos individuais de vacas Guzerá

Ácido graxo	C8:0	C10:0	C12:0	C14:0	C16:0	C18:0	C18:1 trans-11	C18:1 cis-9	CLA ¹
C4:0	-0,39 (0,2) [-0,80;0,01]	-0,84 (0,2) [-0,99;-0,27]	-0,75 (0,2) [-0,99;-0,18]	-0,32 (0,4) [-0,89;0,37]	-0,38 (0,3) [-0,83;0,19]	0,51 (0,1) [0,18;0,80]	0,11 (0,2) [-0,30;0,56]	0,56 (0,3) [0,02;0,98]	-0,41 (0,3) [-0,85;0,14]
C8:0		0,98 (0,0) [0,94;1]	0,97 (0,0) [0,94;0,99]	0,93 (0,0) [0,83;0,99]	-0,31 (0,2) [-0,75;0,17]	-0,58 (0,1) [-0,81;-0,37]	-0,54 (0,1) [-0,87;-0,21]	-0,11 (0,3) [-0,57;0,34]	-0,45 (0,2) [-0,79;-0,09]
C10:0			1 (0,0) [0,99;1]	0,91 (0,0) [0,82;0,98]	-0,42 (0,2) [-0,79;-0,04]	-0,50 (0,1) [-0,79;-0,22]	-0,69 (0,2) [-0,92;-0,18]	-0,39 (0,2) [-0,71;0,16]	-0,59 (0,1) [-0,90;-0,28]
C12:0				0,87 (0,0) [0,80;0,94]	-0,20 (0,2) [-0,62;0,19]	-0,46 (0,1) [-0,66;-0,26]	-0,29 (0,3) [-0,71;0,25]	-0,57 (0,1) [-0,82;-0,33]	-0,53 (0,1) [-0,78;-0,31]
C14:0					-0,06 (0,2) [-0,37;0,40]	-0,49 (0,1) [-0,79;-0,23]	-0,76 (0,2) [-0,98;-0,26]	-0,50 (0,1) [-0,75;-0,26]	-0,50 (0,1) [-0,75;-0,26]
C16:0						-0,13 (0,3) [-0,70;0,55]		-0,80 (0,1) [-0,94;-0,56]	0,07 (0,4) [-0,52;0,83]
C18:0							0,71 (0,1) [0,45;0,94]	0,14 (0,1) [-0,23;0,47]	0,17 (0,3) [-0,67;0,72]
C18:1 trans-11								0,04 (0,4) [-0,60;0,67]	0,13 (0,8) [-0,99;0,98]
C18:1 cis-9									0,68 (0,2) [0,39;0,95]

¹CLA=ácido linoleico conjugado.

CAPÍTULO 3

Polimorfismo no gene estearoil Co-A dessaturase-1 e sua associação com o perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Guzerá

3.1 RESUMO

A qualidade nutricional da gordura do leite bovino para a saúde humana tem chamado a atenção de pesquisadores e consumidores, principalmente devido ao seu alto teor de gordura saturada. Portanto, aumentar a concentração de ácidos graxos insaturados na gordura do leite se torna importante foco de estudo. Variantes encontradas no gene estearoil Co-A desaturase 1 (*SDC1*), que é responsável por codificar uma enzima de mesmo nome capaz de dessaturar ácidos graxos saturados (AGS) em ácidos graxos monoinsaturados (AGM), estão sendo extensivamente estudadas devido à sua associação com variações no perfil de ácidos graxos (AG) da gordura do leite bovino. Com base nisso, o objetivo deste estudo foi identificar as variantes rs41255693 e rs208932125 em vacas Guzerá e realizar estudo de associação desse polimorfismo com os ácidos graxos individuais e índices de insaturação da gordura do leite. O estudo foi composto de dados de perfil de 233 vacas da raça Guzerá de diferentes ordens de parto. No modelo foram considerados os efeitos fixos dos genótipos do gene da SCD1, dieta, classe de idade ao parto e, como covariável linear, dias em lactação. Os maiores valores de índices de insaturação foram para os índices C18:1 e CLA, e o índice C18:1 apresentou menor coeficiente de variação. Das 233 vacas, 70 apresentaram alteração no sequenciamento sugestiva da presença de uma INDEL. O polimorfismo encontrado no gene da SCD1 foi associado significativamente ao AG C18:0 e aos ácidos graxos de configuração *cis*-9, exceto para C18:1 *cis*-9, e aos índices C14:1 e C18:1. Este gene, portanto, é considerado candidato capaz de explicar parte da variabilidade genética no teor de ácidos graxos insaturados no leite de vacas Guzerá.

Palavras-chave: ácidos graxos monoinsaturados, gene da SCD1, INDEL, sequenciamento Sanger, estudo de associação

3.2 INTRODUÇÃO

A gordura do leite bovino tem chamado a atenção de pesquisadores e consumidores, principalmente devido a ser um alimento naturalmente rico em ácidos graxos saturados (AGS), que, por sua vez, foram associados ao aumento de doenças cardiovasculares em humanos. Contudo, a imagem negativa sobre a qualidade nutricional do leite bovino tem sido contestada pelas evidências científicas mais recentes (Astrup; Geiker; Magkos, 2019; Gómes-Cortéz *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2021). Mesmo diante das divergências quanto aos efeitos dos ácidos graxos (AG) sobre a saúde humana, sabe-se que o leite é fonte de diversos AG com funções biológicas distintas e com efeitos funcionais em humanos, como alguns ácidos graxos insaturados (AGI) que contribuem para melhoria e prevenção de algumas doenças metabólicas (Calder, 2015; Coniglio *et al.*, 2023; Giulitti *et al.*, 2021). Diante disso, aumentar o conteúdo de alguns AGI em relação aos AGS no leite bovino se torna desejável do ponto de vista nutricional.

Vários genes envolvidos na biossíntese de AG, principalmente os que codificam enzimas capazes de dessaturar os AGS em AGI, são extensivamente estudados. Este é o caso do gene da estearoil Co-A dessaturase 1 (SCD1) (Alim *et al.*, 2012; Matosinho *et al.*, 2023; Lee; Park, 2014). O gene da SCD1 está localizado no BTA26, possui 17 kb de comprimento, com seis éxons e cinco introns (Barton *et al.*, 2010; Silva *et al.*, 2017). Durante o período de lactação, sua expressão e a abundância de mRNA transcrito é aumentada na glândula mamária (Chung *et al.*, 2000; Bionaz; Loor, 2000). O polimorfismo presente nesse gene pode ser responsável por parte da variação no perfil de ácidos graxos do leite de bovinos (Garnsworthy *et al.*, 2010; Marchitelli *et al.*, 2013; Bovenhuis *et al.*, 2016; Houga *et al.*, 2018; Li *et al.*, 2020).

Estudos relataram que uma mutação não sinônima em um SNP presente no éxon 5 do gene da SCD1, rs41255693, resultando na alteração do nucleotídeo citosina (C) para timina (T) na sequência gênica da SCD1 (C>T), causa a substituição do aminoácido valina pela alanina na posição 293 da proteína (p.A293V), que tem sido associada ao fenótipo de características de produção de leite, perfil de ácidos graxos e índices de insaturação da gordura do leite em bovinos (Alim *et al.*, 2012; Houga *et al.*, 2018; Matosinho *et al.*, 2023; Li *et al.*, 2020). Essa mutação pode afetar a função da enzima SCD1 por estar localizada na terceira região rica em histidina da enzima, região importante para a atividade catalítica da SCD1 (Shanklin *et al.*, 1994).

Pesquisas com esse enfoque são extensivamente estudadas em raças taurinas. Em um estudo piloto com as raças zebuínas, Gir e Guzerá, foi identificado polimorfismo no gene da SCD1 (Freitas *et al.*, 2013). Recentemente, em pesquisa desenvolvida por Matosinho *et al.* (2023) em rebanhos da raça Gir, foram identificados que os animais eram monomórficos para o rs41255693, porém para outro SNP, presente na terceira base desse mesmo códon, rs208932125 (A>G), os animais apresentaram todos os genótipos, e os mesmos foram associados ao perfil de AG no leite. Os autores desse estudo identificaram que vacas portadoras do genótipo AA apresentavam leite com menores concentrações de C12:0 e ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) e maiores concentrações de CLA *cis*-9 *trans*-11 em comparação com vacas portadoras do genótipo GG.

Diante do uso frequente e crescente de animais zebuínos nos sistemas de produção de leite no Brasil, e das demandas do consumidor por derivados lácteos nutracêuticos, o objetivo deste estudo foi verificar a ocorrência das variantes rs41255693 e rs208932125 em vacas Guzerá e realizar o estudo de associação desses com os ácidos graxos individuais e os índices de insaturação da gordura do leite.

3.3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.3.1 Coleta das amostras de leite e sangue

Foram colhidas amostras individuais e únicas de leite e sangue no período em torno do pico de lactação de 284 vacas Guzerá, provenientes de 11 rebanhos. Os rebanhos estavam distribuídos nas regiões Sudeste e Nordeste do Brasil. As colheitas foram realizadas nos anos de 2012, 2016, 2017 e 2018. Cada amostra, contendo 15 ml de leite, foi composta por 2/3 do leite da primeira ordenha e o 1/3 restante na segunda ordenha, representando a produção diária individual. As amostras foram acondicionadas em tubos 'Falcon' com tampa de rosca e sem adição de conservante, sendo imediatamente congeladas e armazenadas à -20°C até o momento das análises. As amostras de sangue foram colhidas em tubos à vácuo contendo K2 EDTA e imediatamente congeladas a -20°C até a extração do DNA.

3.3.2 Extração do DNA, desenho dos *primers*, PCR e sequenciamento

As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética Humana e Médica do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais

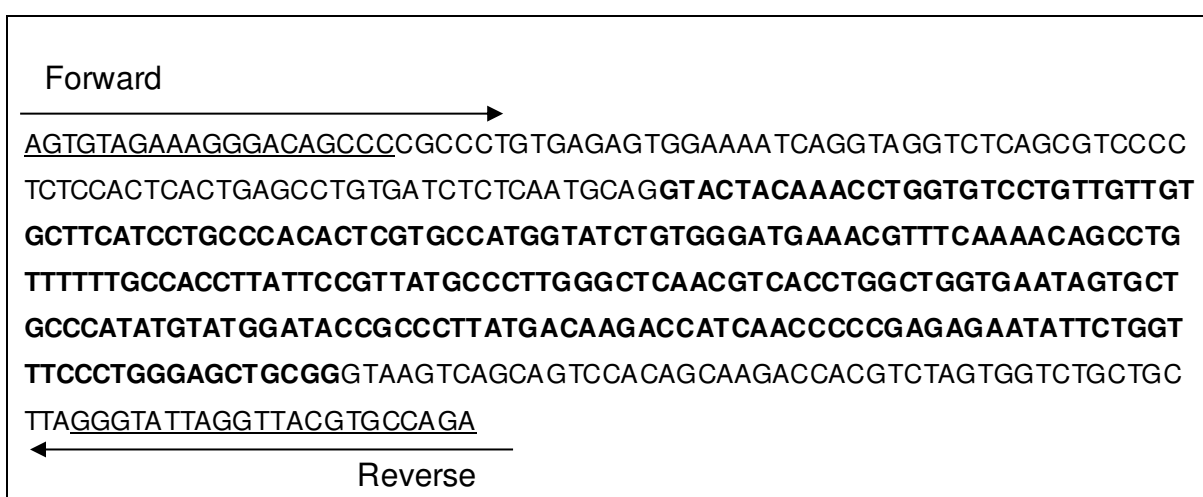
(ICB/UFMG). A extração do DNA foi feita conforme o protocolo descrito por Miller *et al.* (1988).

Os *primers* foram desenhados para flanquear o éxon 5 do gene da SCD1, usando o *Primer BLAST* (Ye *et al.*, 2012), pois o objetivo era detectar uma variante que afeta a última e a penúltima base desse mesmo éxon. A sequência do *Bos taurus* (ARS-UCD1.2; NC_037353.1) foi usada como referência. No apêndice A, encontram-se descritos os 4 *primers* desenhados na fase inicial do estudo. Os *primers* escolhidos para as análises são apresentados na tabela 1 e na figura 1.

Tabela 1 - Localização dos *primers* utilizados no gene da SCD1

Gene	<i>Primers</i>	Sequência (5'-3')	amplicon (pb)
SCD1-chr26	<i>Forward</i>	AGTGTAGAAAGGGACAGCCC	400
21272095-			
21272494	<i>Reverse</i>	TCTGGCACGTAACCTAATACCC	

Figura 1- Região amplificada do gene da SCD1, em destaque na cor rosa estão os pares de *primers*, em amarelo os dois SNPs de interesse e em negrito o éxon 5. Fragmento retirado da sequência ARS-UCD1.2, cromossoma 26 bovino



Fonte: A autora.

As reações de PCR foram realizadas usando 100 ng de DNA genômico, 2 µl de cada *primer* (5 pmol/µl), 5 µl de tampão IV B, 2 µl de DMSO, 2 µl de dNTP, 0,4 µl de Taq e água Mili-Q para um volume final de 25 µl. A amplificação do DNA foi realizada em termociclador, aplicando uma desnaturação inicial de 94°C por 4 minutos,

amplificando, em seguida, por 30 ciclos de 30 segundos a 94°C, 54°C e 72°C, e terminando com uma extensão final de 4 minutos a 72°C. As PCRs foram padronizadas e confirmadas em géis de poliacrilamida de 6 e 8%. Após a confirmação das PCRs, as amostras foram quantificadas com o equipamento NanoDrop, purificadas (Apêndice B) e enviadas para serem sequenciadas pelo método Sanger. Os *primers* utilizados para sequenciamento foram os mesmos relatados na tabela 1.

3.3.2 Análise do sequenciamento Sanger

O objetivo inicial era verificar os polimorfismos rs41255693 e o rs208932125, presentes na segunda e terceira base do códon 293 do gene da esteroil coenzima-A dessaturase 1 (SCD1) (vide apêndice C). A variante A293V (rs41255693) é um SNP não sinônimo que causa uma substituição de C>T na segunda base do códon da SCD1, alterando a sequência de aminoácidos da proteína na posição 293, resultando na substituição de uma alanina por valina (Alim *et al.*, 2012). O SNP rs208932125 é uma mutação silenciosa localizada na região de *splicing* do éxon 5 do gene da SCD1 que não resulta em substituição dos aminoácidos (Matosinho *et al.*, 2023). Contudo, ao avaliar visualmente as sequências de nucleotídeos, com o auxílio do programa MEGA11 (Tamura; Stecher; Kumar 2021), foi observado que algumas amostras apresentaram duas sequências sobrepostas de DNA. Diante disso, as amostras foram separadas em dois grupos: (1) amostras que não apresentaram essa alteração (sequência sobreposta) foram classificadas como não alteradas e (2) amostras que apresentaram essa alteração e foram classificadas como alteradas. Ao final, foram 163 amostras sem alteração e 70 amostras com alteração.

3.3.4 Análise da composição de ácidos graxos da gordura do leite

Os ácidos graxos nas amostras de leite foram analisados por cromatografia gasosa como éteres metílicos de ácidos graxos (FAME), conforme descrito por Matosinho *et al.* (2023).

Para o estudo, foram selecionados 13 ácidos graxos individuais (C4:0, C10:0, C10 *cis*-9, C12:0, C12:1 *cis*-9, C14:0, C14:1 *cis*-9, C16:0, C16:1 *cis*-9, C18:0, C18:1 *trans*-11, C18:1 *cis*-9, CLA) e quatro índices de insaturação. Os índices de insaturação foram calculados para os pares C14:1 *cis*-9/C14:0, C16:1 *cis*-9/C16:0, C18:1 *cis*-9/C18:0 e CLA *cis*-9 *trans*-11/C18:1 t11, conforme descrito por Kelsey *et al.* (2003, equação 1).

$$\text{Índice } C14:1 = \frac{C14:1 \text{ cis}-9}{C14:1 \text{ cis } 9 + C14:0}$$

Equação 1

3.3.5 Construção do banco de dados, classificação da idade ao parto e das dietas

O banco de dados continha informações referentes à identificação dos animais, data de nascimento, data de parto, data de amostragem do perfil de AG, idade da vaca ao parto, rebanho, dieta, genealogia, dias em lactação ao se realizar a amostragem do perfil de AG (dias em lactação, DEL, média de 73 dias), genótipos das variantes do gene da SCD1 e perfil de AG.

A idade ao parto e a dieta foram agrupadas em classes, totalizando quatro classes para idade ao parto e quatro classes de dietas, conforme descrito na tabela 2. As dietas foram divididas em três grandes grupos: pasto tropical, silagem de milho e mista (pasto tropical e silagem de milho). Esses grupos foram subdivididos conforme o tipo de concentrado fornecido, em: com concentrado lipídico (foram incluídas nessa classe o fornecimento de soja, gordura protegida ou algodão) ou sem concentrado lipídico (foi incluído nessa classe o fornecimento de cevada). A idade ao parto em classes e a dieta em categorias permitem considerar o efeito direto que esses fatores têm sobre a modificação do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de ruminantes (Bilal, *et al.*, 2014; Plata-Pérez *et al.*, 2022; Rodríguez-Bermúdez *et al.*, 2023).

Tabela 2– Número de animais (N) em cada classe de idade e categoria de dieta fornecida às vacas Guzerá amostradas neste estudo

Classe	N	Composição da classe de idade dos animais
1 ¹	75	<= 46 meses
2	60	47 a 65 meses
3	66	66 a 90 meses
4	32	>90 meses
Categorias de composição da dieta		
1	58	Silagem de milho + Concentrado não-lipídico
2	95	Pasto tropical + Concentrado não-lipídico
3	51	Pasto tropical + Concentrado lipídico
4	29	Mista + Concentrado não-lipídico

¹ A média de idade ao primeiro parto do banco de dados de leite foi considerada como base para estipular a idade dos animais que seriam incluídos na primeira classe.

Foram eliminadas do banco de dados as informações referentes aos animais sem informação de data de nascimento, sem data de parto, com idade acima de 130 meses de idade ao parto e sem fenótipo para o gene da SCD1. Ao final, o banco de dados possuía informação de 233 vacas Guzerá.

3.3.6 Análise estatística

Os dados foram analisados utilizando o procedimento MIXED (proc Mixed) do programa SAS. O proc MIXED foi escolhido pois não se conhecia previamente a independência entre as variáveis, e para considerar, inicialmente, o efeito aleatório de touro no modelo. Contudo, para a maioria das características, o efeito aleatório de touro não foi significativo ou gerou problemas na convergência do modelo e foi removido do modelo. Permaneceram no modelo os efeitos fixos dos genótipos presentes no gene da SCD1, dieta, classe de idade ao parto e, como covariável linear, DEL. O seguinte modelo foi utilizado:

$$y_{ijlm} = \mu + D_i + CIP_j + SCD1_l + b_{ijlm}(DEL - \overline{DEL}) + e_{ijlm}$$

em que y_{ijlm} = valor observado para os ácidos graxos individuais e índices de insaturação; μ = é a média geral; D_i = efeito fixo de categoria da dieta i (4 classes); CIP_j = efeito fixo da classe de idade ao parto j , em meses (4 classes); $SCD1_l$ = efeito fixo do gene da SCD1 (alterada e não alterada); b_{ijlm} = coeficiente angular da regressão linear associada ao DEL; DEL = dias em lactação à amostragem do perfil de ácidos graxos; $\overline{DEL}$ = média dos dias em lactação, representando DEL como covariável linear; e_{ijlm} = erro aleatório. Os resultados sobre os efeitos do genótipo SCD1 são apresentados como médias de quadrados mínimos $\pm$ EP. As diferenças entre as médias foram declaradas significativas quando $p \leq 0,05$. Os dados do ácido graxo CLA foram transformados usando-se a raiz quadrada para melhor ajustar os resíduos em uma distribuição normal, conforme feito por Matosinho *et al.* (2023).

3.4 RESULTADOS

Na tabela 3 são descritas as concentrações dos ácidos graxos (AG) estudados em g/100 g de AG total. A análise do perfil de ácidos graxos da gordura do leite de vacas Guzerá revelou uma maior concentração dos ácidos graxos C16:0, seguido dos ácidos C18:1 *cis*-9, C18:0 e C14:0. Os ácidos graxos de configuração *cis*-9 foram

encontrados em proporções abaixo de 2g/100 g de AG totais. Os maiores valores de índices de insaturação foram observados para os índices C18:1 e CLA. O índice C18:1 apresentou menor coeficiente de variação menor.

Tabela 3- Média $\pm$ desvio padrão (DP), coeficiente de variação (CV), valores mínimo e máximo do perfil de ácidos graxos da gordura do leite (g/100 g de ácidos graxos totais) de vacas Guzerá

Característica	N	Média	$\pm$ DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
Ácidos graxos saturados						
C4:0	233	3,272	0,40	12,09	1,549	4,337
C10:0	233	2,562	0,65	25,22	1,052	4,480
C12:0	233	3,018	0,80	26,55	1,391	5,396
C14:0	233	9,454	1,22	12,90	4,703	12,351
C16:0	233	27,740	3,13	11,30	19,790	34,900
C18:0	233	10,356	2,01	19,42	6,451	17,029
Ácidos graxos insaturados						
C10:1 <i>cis</i> -9	224	0,310	0,10	31,07	0,118	0,570
C12:1 <i>cis</i> -9 ¹	224	0,190	0,06	32,90	0,080	0,386
C14:1 <i>cis</i> -9	233	1,161	0,29	24,75	0,480	2,154
C16:1 <i>cis</i> -9	224	1,956	0,31	15,87	1,291	2,942
C18:1 <i>trans</i> -11	233	1,119	0,89	49,82	0,434	3,909
C18:1 <i>cis</i> -9	233	20,360	3,21	15,53	13,180	30,590
CLA						
(C18:2 <i>cis</i> -9, <i>trans</i> 11)	233	0,920	0,40	42,79	0,260	1,820
Índices de insaturação						
índice C14:1	233	0,109	0,02	18,85	0,058	0,184
Índice C16:1	224	0,066	0,01	16,46	0,038	0,097
Índice C18:1	233	0,666	0,05	6,83	0,536	0,798
Índice CLA	233	0,345	0,04	12,56	0,231	0,457

¹coeluiu com o C13:0.

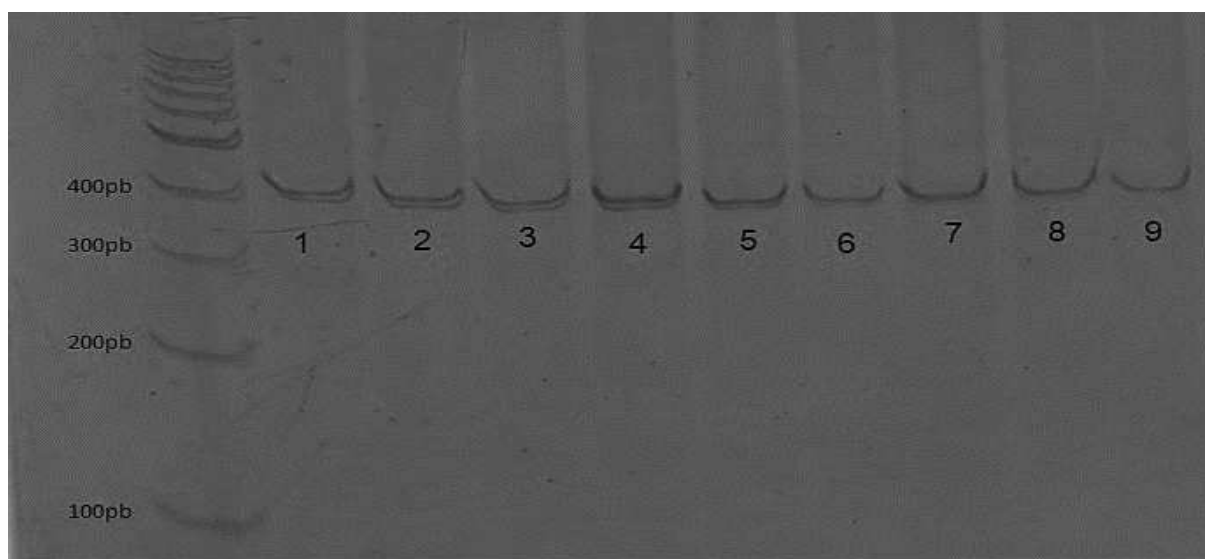
Os *primers* projetados foram suficientes para amplificar, com sucesso, um fragmento direcionado de 400 pb, que incluiu o éxon 5 do gene da SCD1 nas amostras

de DNA de vacas Guzerá. A amplificação usou a técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em todas as amostras (Figura 2).

Na figura 3 são apresentados os padrões de sequenciamento Sanger que foram encontrados nos cromatogramas das amostras com sequências alteradas e não alteradas. As sequências sobrepostas apresentaram dois picos, a maioria com a mesma altura, largura e forma, que não começou no início do fragmento. Todas as amostras alteradas mantiveram o início do íntron 5 conservado nas duas sequências (bases GT).

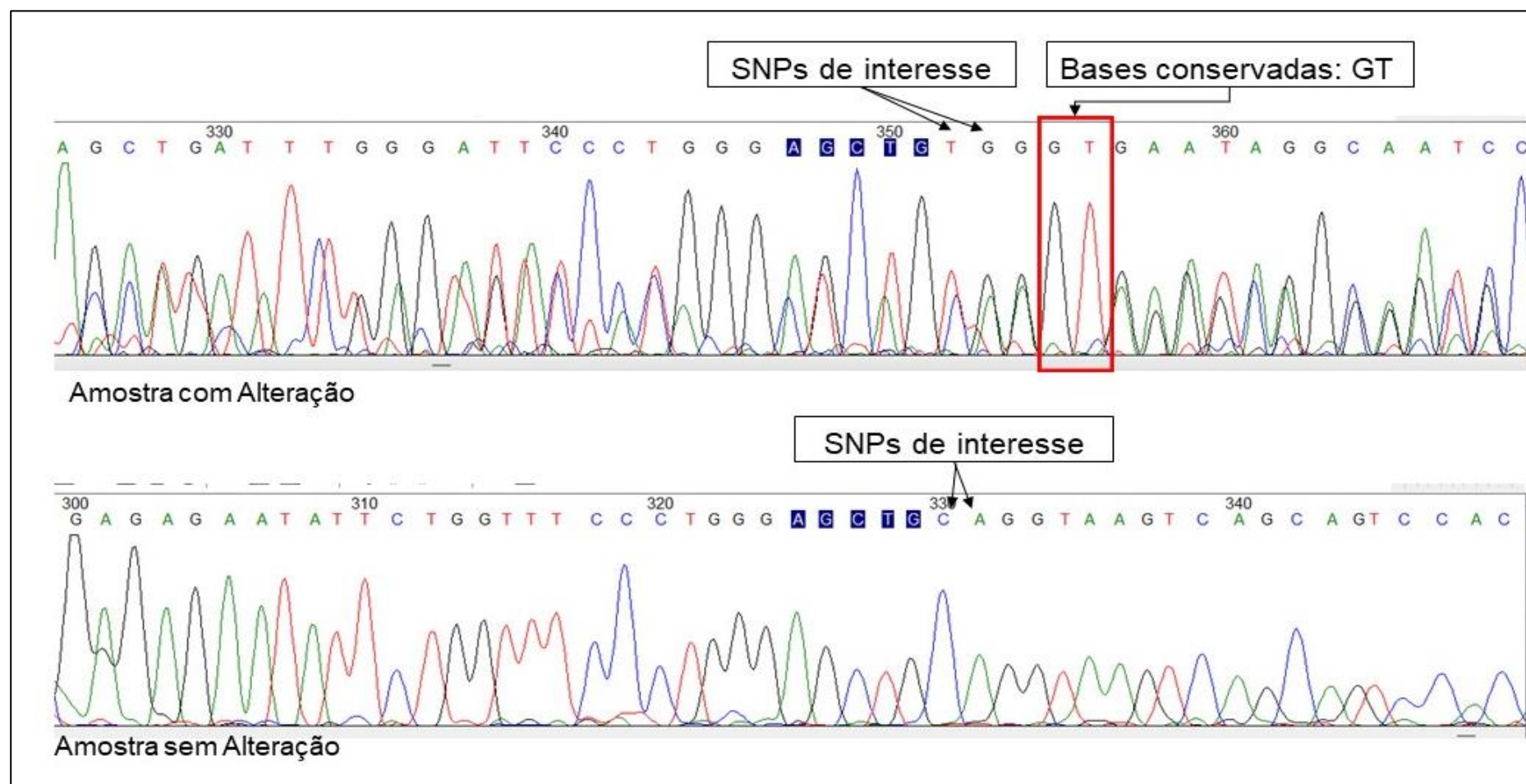
Na tabela 4, encontram-se os resultados da análise do efeito do polimorfismo do gene da SCD1 sobre o perfil de ácidos graxos e índices de insaturação da gordura do leite de vacas Guzerá. O gene da SCD1 não teve efeito sobre os ácidos graxos saturados ($p>0,05$), exceto para C18:0, e foi associado significativamente ($p<0,05$) a todos os AG monoinsaturados de configuração *cis*-9, exceto para o C18:1 *cis*-9. O gene da SCD1 foi associado apenas aos índices C14:1 e C18:1 ($p<0,05$). As amostras classificadas sem a presença da sequência sobreposta apresentaram maior conteúdo de C18:0, menores concentrações de C10:1 *cis*-9 a C16:1 *cis*-9 e menores valores dos índices de insaturação C14:1 e C18:1 em comparação com as amostras alteradas.

Figura 2- Eletroforese em gel de acrilamida com a confirmação dos resultados das PCR e do tamanho do fragmento amplificado. De 1 ao 9 são os resultados de PCR das amostras de bovinos Guzerá. Primeira coluna: *ladder*, 100 pb



Fonte: A autora.

Figura 3- Cromatograma usado na classificação visual dos resultados do sequenciamento Sanger do gene da SCD1 nas amostras de DNA de vacas Guzerá, apresentando os SNPs de interesse e as sequências conservadas no início do íntron 5 (bases GT)



Fonte: A autora.

Tabela 4- Efeito do gene da SCD1 sobre o perfil de ácidos graxos (g/100 g de ácidos graxos totais) da gordura do leite de vacas Guzerá

Características	Sem alteração	EP ¹	com alteração	EP	P-valor
Ácidos graxos saturados					
C4:0	3,32	0,03	3,30	0,05	0,7168
C10:0	2,58	0,05	2,69	0,07	0,1528
C12:0	3,04	0,06	3,20	0,08	0,1134
C14:0	9,45	0,11	9,76	0,15	0,0918
C16:0	27,94	0,26	28,70	0,35	0,0893
C18:0	10,32 ^a	0,17	9,44 ^b	0,23	0,0024
Ácidos graxos insaturados					
C10:1 cis-9	0,31 ^b	0,01	0,35 ^a	0,01	0,0024
C12:1 cis-9	0,19 ^b	0,00	0,21 ^a	0,01	0,0017
C14:1 cis-9	1,14 ^b	0,03	1,29 ^a	0,03	0,0013
C16:1 cis-9	1,96 ^b	0,03	2,06 ^a	0,04	0,0254
C18:1 cis-9	20,66	0,29	20,16	0,39	0,3104
C18:1 trans-11	1,60	0,04	1,63	0,06	0,7195
CLA	0,83	0,02	0,87	0,03	0,1701
Índices de insaturação					
Índice C14:1	0,11 ^b	0,00	0,12 ^a	0,00	0,0064
Índice C16:1	0,07	0,00	0,07	0,00	0,3912
Índice C18:1	0,67 ^b	0,00	0,68 ^a	0,01	0,0365
Índice CLA	0,35	0,00	0,36	0,01	0,1917

¹ erro padrão

As médias dentro de uma linha com sobrescritos diferentes diferem (a,b) significativamente (p < 0,05). Em negrito os efeitos significativos.

3.5 DISCUSSÃO

A gordura do leite, em especial, o perfil de AG, vem sendo foco de estudos devido ao seu alto valor econômico e sua influência direta sobre as propriedades tecnológicas e sensoriais dos produtos lácteos, e sobre a saúde humana (Gómez-Cortéz *et al.*, 2018; Samková *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2021). O perfil de AG do leite das vacas Guzerá foi semelhante à faixa relatada em animais taurinos e zebuínos (Acosta-Balcazar *et al.*, 2022; Matosinho *et al.*, 2023; Pegolo *et al.*, 2016; Silva *et al.*,

2023). No presente estudo, o índice de insaturação C18:1 foi o que apresentou menor faixa de variação em comparação com os outros índices, o que foi relatado também por Matosinho *et al.* (2023) para a raça Gir. Essa faixa mais estreita de variação do índice C18:1 retrata a importância da manutenção do teor do ácido graxo C18:1 *cis*-9 para a estabilidade da fluidez da gordura do leite (Jensen, 2002).

Verificou-se neste estudo que das 233 vacas Guzerá amostradas, 30,04% das vacas apresentaram o fragmento amplificado de DNA com duas sequências sobrepostas, e em todas o início do íntron 5 permaneceu conservado, sendo sugestivo da presença de uma INDEL (inserção/deleção) nessa região gênica da SCD1 (figura 3). Para obtenção dessas sequências foi utilizada a técnica sequenciamento de Sanger, que apesar de ter alta precisão, ainda assim, é suscetível a erros técnicos, principalmente nas etapas que antecedem o sequenciamento, tais como amplificação e purificação de produtos de PCR (Schirmer *et al.*, 2016). Esses erros podem induzir à leitura equivocada dos picos AGCT nos cromatogramas. De acordo com Southern (1975) e Al-Shuhaib e Hashim (2023), a presença de artefatos de sequência, que podem surgir pelo deslizamento da polimerase durante a replicação, pode interferir na interpretação correta dos cromatogramas de DNA. No entanto, os picos encontrados nas amostras de DNA do presente estudo foram simétricos e com largura uniforme em ambos os lados, que são características de picos descritos como ideais e não como ruídos (Al-Shuhaib; Hashim, 2023; conforme exemplificado no anexo A). A identificação e análise correta dos picos nos cromatogramas oferecem *insights* (ideias) sobre a composição genética dos indivíduos. Contudo, apesar da análise visual minuciosa realizada nestes cromatogramas, não foi possível confirmar a existência da INDEL nesse *locus*. Faz-se necessário, para tanto, realizar a clonagem desse material para confirmação desses resultados encontrados.

O polimorfismo encontrado no gene da SCD1 é responsável por parte da variação encontrada no perfil de AG e nos índices de insaturação da gordura do leite de vacas (Garnsworthy *et al.* 2010; Houga *et al.*, 2018; Li *et al.*, 2020), o que vem ao encontro dos resultados obtidos neste estudo (tabela 4). De acordo com Pegolo *et al.* (2016), o gene da SCD1 tem um papel fundamental no metabolismo de AG insaturados na glândula mamária. Esse gene é responsável por codificar uma enzima de mesmo nome, também conhecida como Δ -9 dessaturase, que é capaz de adicionar uma ligação *cis* entre os carbonos 9 e 10 de uma gama de AG (Mele *et al.*, 2007). As variações (com e sem alteração) do gene da SCD1 apresentaram efeito significativo

($p < 0,05$) apenas para o ácido graxo saturado C18:0, o que está de acordo com a especificidade da enzima SCD1 pelo C18:0, relatada por Ntambi e Miyazaki (2004), que resulta na produção do ácido graxo C18:1 *cis*-9, responsável pela manutenção da fluidez do leite (Chilliard *et al.*, 2007).

A relação do polimorfismo do gene da SCD1 com o conteúdo de ácidos graxos insaturados, em especial com o CLA (C18:2 *cis*-9, *trans*-11) tem sido investigada em diversos estudos devido ao maior conteúdo do CLA encontrado no leite bovino ser oriundo da produção endógena na glândula mamária (Bauman *et al.*, 2006). Contudo, neste estudo a associação do polimorfismo no gene da SCD1 com o conteúdo de CLA não alcançou significância ($p > 0,05$), assim como em estudos com vacas Holandesas Italianas, conduzidos por Mele *et al.* (2007). Possivelmente, parte desses resultados podem ser devido ao tamanho amostral reduzido utilizado nos dois estudos (Marchitelli *et al.*, 2013). Em estudo conduzido por Li *et al.* (2020), também não foi observado efeito significativo das variantes do gene da SCD1 sobre os ácidos C18:1 *cis*-9, C18:1 *trans*-11 e CLA. Kgwatalala *et al.* (2009) concluíram que as diferenças nos efeitos do gene da SCD1 sobre os AG individuais podem ser resultado, em parte, da origem desses AG no leite.

De acordo com Garnsworthy *et al.* (2010), a atividade da enzima SCD1 na glândula mamária pode ser avaliada indiretamente pela proporção dos produtos/substratos dessa enzima, sendo que o índice C14:1 é considerado o melhor, pois quase todo C14:1 *cis*-9 encontrado na gordura do leite é oriundo da dessaturação na glândula mamária, enquanto os produtos e precursores dos outros pares de AG podem ser oriundos da dieta ou mobilização da gordura corporal. Os resultados apresentados na tabela 4 mostram que o gene da SCD1 afetou significativamente ($p < 0,05$) apenas os índices C14:1 e C18:1. Em vacas Modicanas, Valenti *et al.* (2019) não encontraram efeito do polimorfismo do gene da SCD1 sobre nenhum dos índices de insaturação estudados. Conte *et al.* (2010) sugeriram que as diferenças nos resultados quanto ao efeito do polimorfismo do gene da SCD1 sobre o perfil de ácidos graxos e índices de insaturação podem estar associados à alteração na especificidade da enzima pelo substrato, ou pelo fato da dieta fornecida aos animais redimensionar os efeitos do polimorfismo do gene da SCD1 (Valenti *et al.*, 2019).

3.6 CONCLUSÕES

As vacas que apresentaram sequências sobrepostas de DNA no éxon 5 do gene da estearoil Co-A dessaturase 1 mantiveram o início do íntron 5 conservado (nas bases GT), o que pode ser indicativo da presença de uma INDEL nessas amostras. Contudo mais análises devem ser realizadas para confirmar esse achado.

Com base nas relações encontradas no presente estudo para os ácidos graxos monoinsaturados e os índices de insaturação C14:1 e C18:1 e *SCD1*, pode-se inferir que este gene pode ser considerado candidato capaz de explicar parte da variabilidade genética do teor de ácidos graxos insaturados no leite de vacas Guzerá.

Declaração de Ética

Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética da Embrapa Gado de Leite sob o número de protocolo CEUA nº 11/2015.

REFERÊNCIAS

AL-SHUHAIB, M. B. S.; HASHIM, H. O. Mastering DNA chromatogram analysis in Sanger sequencing for reliable clinical analysis. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, v. 21, n. 115, 2023. DOI 10.1186/s43141-023-00587-6. Disponível em: <https://jgeb.springeropen.com/articles/10.1186/s43141-023-00587-6#citeas>. Acesso em: 15 abr. 2024.

ALIM, M. A. *et al.* Genetic effects of stearoyl-coenzyme A desaturase (SCD) polymorphism on milk production traits in the Chinese dairy population. **Molecular Biology Reports**, v. 39, n. 9, p. 8733-8740, 2012. DOI 10.1007/s11033-012-1733-6. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22722989/>. Acesso em: 20 fev. 2023.

ASTRUP, A. *et al.* Regular-fat dairy and human health: A synopsis of symposia presented in Europe and North America (2014-2015). **Nutrients**, v. 8, n. 8, 2016. DOI 10.3390/nu8080463. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27483308/>. Acesso em: 20 fev. 2023.

ASTRUP, A.; GEIKER, N. R. W.; MAGKOS, F. Effects of full-fat and fermented dairy products on cardiometabolic disease: food is more than the sum of its parts. **Advances in Nutrition**, v. 10, n. 5, 2019. DOI 10.1093/advances/nmz069. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31518411/>. Acesso em: 23 jan. 2023.

BARTON, L. *et al.* The polymorphisms of stearoyl-CoA desaturase (SCD1) and sterol regulatory element binding protein-1 (SREBP-1) genes and their association with the fatty acid profile of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. **Meat**

Science, v. 85, n. 1, p. 15-20, 2010. DOI 10.1016/j.meatsci.2009.11.016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20374858/>. Acesso em: 10 fev. 2023.

BAUMAN, D. E. *et al.* Major advances associated with the biosynthesis of milk. **Jornal of Dairy Science**, v. 89, n. 4, p. 1235-1243, 2006. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(06)72192-0. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16537956/>. Acesso em: 15 jan. 2023.

BILAL, G. *et al.*, Effects of parity, age at calving and stage of lactation on fatty acid composition o milk in Canadian Holsteins. **Canadian Journal of Animal Science**. 2014. <https://doi.org/10.4141/cjas2013-172>. Disponível em: <https://cdnsiencepub.com/doi/10.4141/cjas2013-172>. Acesso em: 15 jan. 2023.

BIONAZ, M.; LOOR, J. Gene networks driving bovine milk fat synthesis during the lactation cycle. **BCM Genomics**, v. 9, n. 366, 2008. DOI 10.1186/1471-2164-9-366. Disponível em: <https://bmcmgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2164-9-366#citeas>. Acesso em: 20 jan. 2023.

BOVENHUIS, H. *et al.* Effects of the diacylglycerol o-acyltransferase 1 (DGAT1) K232A polymorphism on fatty acid, protein, and mineral composition of dairy cattle milk. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 4, 2016. DOI 10.3168/jds.2015-10462. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26898284/>. Acesso em: 20 jan. 2023.

CALDER, P. C. Functional roles of fatty acids and their effects on human health. **Journal of Parenteral and Enteral Nutrition**, v. 39, n. 1, p. 18-32, 2015. DOI 10.1177/0148607115595980. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26177664/>. Acesso em: 15 jan. 2023.

CHILLIARD, Y. *et al.* Diet, rumen biohydrogenation and nutritional quality of cow and goat milk fat. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 109, p. 828-855, 2007. DOI 10.1002/ejlt.200700080. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ejlt.200700080>. Acesso em: 15 jan. 2023.

CHUNG, M. *et al.* Cloning and characterization of bovine stearyl CoA Desaturase 1 cDNA from adipose tissues. **Bioscience Biotechnology Biochemistry**, v. 64, n. 7, p. 1526-1530, 2000. DOI 10.1271/bbb.64.1526. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10945276/>. Acesso em: 02 abr. 2023.

CONIGLIO, S.; SHUMSKAYA, M.; VASSILIOU, E. Unsaturated fatty acids and their immunomodulatory properties. **Biology**, v. 12, n. 279, 2023. DOI 10.3390/biology12020279. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2079-7737/12/2/279>. Acesso em: 20 jan. 2024.

CONTE, G. *et al.* Diacylglycerol acyltransferase 1, stearyl-CoA desaturase 1, and sterol regulatory elemento binding protein 1 gene polymorphisms and milk fatty acid composition in Italian Brown cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 93, p. 753-763, 2010. DOI 10.3168/jds.2009-2581. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20105547/>. Acesso em: 02 abr. 2023.

ENOCH, H. G.; CATALÁ, A.; STRITTMATTER, P. Mechanism of rat liver microsomal stearyl-CoA desaturase. Studies of the substrate specificity, enzyme-substrate interactions, and the function of lipid. **Journal of Biological Chemistry**, v. 251, p. 5095-5103, 1976. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8453/>. Acesso em: 20 jan. 2024.

FERLAY, A. *et al.* Production of trans and conjugated fatty acids in dairy ruminants and their putative effects on human health: A review. **Biochimie**, v. 141, p. 107-120, 2017. DOI 10.1016/j.biochi.2017.08.006. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28804001/>. Acesso em: 02 abr. 2023.

FREITAS, A. C. *et al.* Caracterização do gene Stearoyl-CoA desaturase nas raças Gir e Guzerá. In: X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. **Anais**. Uberaba, MG: SBMA. 2013. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/976736>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GARNSWORTHY, P. C. *et al.* Short communication: Heritability of milk fatty acid composition and stearoyl-CoA desaturase indices in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 4, 2010. DOI 10.3168/jds.2009-2695. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210001499>. Acesso em: 20 mar. 2023.

GIULITTI, F. *et al.* Anti-tumor effect of oleic acid in hepatocellular carcinoma cell lines via autophagy reduction. **Frontiers in Cell and Developmental Biology**, v. 9, n. 629182, 2021. DOI 10.3389/fcell.2021.629182. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33614661/>. Acesso em: 02 abr. 2023.

GÓMEZ-CORTÉS, P. *et al.* Milk fatty acids and potential health benefits: an updated vision. **Trend in Food Science & Technology**, v. 81, 2018. DOI 10.1016/j.tifs.2018.08.014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0924224418303431>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HANUŠ, O. *et al.* Role of fatty acids in milk fat and the influence of selected factors on their variability-A review. **Molecules**, v. 23, n. 1636, 2018. DOI 10.3390/molecules23071636. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6100482/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HOUGA, I. *et al.* Milk fatty acid variability and association with polymorphisms in SCD1 and DGAT1 genes in White Fulani and Borgou cattle breeds. **Molecular Biology Reports**, v. 45, n. 6, p. 1849-1862, 2018. DOI 10.1007/s11033-018-4331-4. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30168097/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

HUE-BEAUVAIS, C. *et al.* Nutritional regulation of mammary gland development and milk synthesis in animal models and dairy species. **Genes**, v. 12, n. 4, 2021. DOI 10.3390/genes12040523. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33916721/>. Acesso em: 02 abr. 2023.

JENSEN, R. G. The composition of bovine milk lipids: january 1995 to december 2000. **Journal of Dairy Science**, 85:295-350, 2002. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(02)74079-4. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030202740794>. Acesso em: 20 mar. 2023.

KELSEY, J. A. *et al.* The effect of breed, parity, and stage of lactation on conjugated linoleic acid (CLA) in milk fat from dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p. 2588-2597, 2003. DOI 10.3168/jds.S0022-0302(03)73854-5. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030203738545#:~:text=Breed%2C%20parity%2C%20and%20days%20in,percent%2C%20and%20milk%20fat%20yield>. Acesso em: 20 maio 2023.

KGWATALALA, P. M. *et al.* Influence of stearoyl-coenzyme A desaturase 1 genotype and stage of lactation on fatty acid composition of Canadian Jersey cows. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 3, p.1120-1228, 2009. DOI 10.3168/JDS.2008-1471. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030209704308>. Acesso em: 20 maio 2024.

KNUTSEN, T. M. *et al.* Genetic variants associated with two major bovine milk fatty acids offer opportunities to breed for altered milk fat composition. **Genetics Selection Evolution**, v. 54, n. 35, 2022. DOI 10.1186/s12711-022-00731-9. Disponível em: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-022-00731-9>. Acesso em: 20 mar. 2023.

LEE, H.; PARK, W. J. Unsaturated fatty acids, desaturases, and human health. **Journal of Medicinal Food**, v. 17, n. 2, 2014. DOI 10.1089/jmf.2013.2917. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24460221/>. Acesso em: 10 abr. 2023.

LI, Y. *et al.* Variation in the stearoyl-CoA desaturase gene (SCD) and its influence on milk fatty acid composition in late-lactation dairy cattle grazed on pasture. **Archives Animal Breeding**, v. 63, n. 2, p. 355-366, 2020. DOI 10.5194/aab-63-355-2020. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33178884/>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MARCHITELLI, C. *et al.* Milk fatty acid variability: effect of some candidate genes involved in lipid synthesis. **Journal of Dairy Research**, v. 80, p. 165-173, 2013. DOI 10.1017/S002202991300006X. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23473395/>. Acesso em: 10 abr. 2023.

MATOSINHO, C. G.R. *et al.* Phenotypic variation in milk fatty acid composition and its association with stearoyl-CoA desaturase 1 (SCD1) gene polymorphisms in Gir cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 40, n. 5, p. 532-548, 2023. DOI 10.1111/jbg.12777. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jbg.12777>. Acesso em: 20 mar. 2024.

MELE, M. *et al.* Stearoyl-coenzyme A desaturase gene polymorphism and milk fatty acid composition in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p. 4458–4465, 2007. DOI 10.3168/jds.2006-617. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030207719082>. Acesso em: 20 mar. 2023.

MENESES, M. A. *et al.* Composição em ácidos graxos do leite de vacas alimentadas com glicerina de baixa pureza. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 2, p.971-984, 2015. DOI 10.5433/1679-0359.2015v36n2p971. Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/pdf/10.5555/20153272824>. Acesso em: 02 mar. 2023.

MILLER, S. A.; DYKES, D. D. ; POLESKY, H. F. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. **Nucleic Acids Research**, 16:1215, 1988.

PEGOLO, S. *et al.* Genetic and environmental relationships of detailed milk fatty acids profile determined by gas chromatography in Brown Swiss cows. **Journal of Dairy Science**, v. 99, n. 2, p. 1315-1330, 2016. DOI 10.3168/jds.2015-9596. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26709183/>. Acesso em: 10 jan. 2023

PLATA-PÉREZ, G. *et al.* Oilseed supplementation improves milk composition and fatty acid profile o cow milk: a meta-analysis and meta-regression. **Animals**, 12(13):1642, 2022. DOI 10.3390/ani12131642. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/12/13/1642>. Acesso em: 08 abr. 2023.

RODRÍGUEZ-BERMÚDEZ, R. F. *et al.* Factors affecting fatty acids composition of Holstein cow's milk. **Animals**, v. 13, n. 4, 2023. DOI 10.3390/ani13040574. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36830361/>. Acesso em: 23 fev. 2024.

SHANKLIN, J.; WHITTLE, E.; FOX, B. G. Eight histidine residues are catalytically essential in a membrane-associated iron enzyme, stearoyl-CoA desaturase, and are conserved in alkane hydroxylase and xylene monooxygenase. **Biochemistry**, v. 33, p. 12787-12794, 1994. DOI 10.1021/bi00209a009. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7947684/>. Acesso em: 08 abr. 2023.

SCHIRMER, M, *et al.* Illumina error profiles: resolving fine-scale variation in metagenomic sequencing data. **BMC Bioinform**, v. 17, p. 1–15. 2016. DOI 10.1186/s12859-016-0976-y. Disponível em: <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-016-0976-y>. Acesso em: 23 fev. 2024.

SOUTHERN, E. M. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. **Journal of Molecular Biology**, v. 98, p.503–517, 1975. DOI 10.1016/S0022-2836(75)80083-0. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1195397/>. Acesso em: 08 abr. 2023.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. **Molecular Biology and Evolution**, 38:3022-3027, 2021. DOI

10.1093/molbev/msab120. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33892491/>. Acesso em: 08 abr. 2023.

VALENTI, B. *et al.* Genetic polymorphisms at candidate genes affecting fat content and fatty acid composition in Modicana cows: effects on milk production traits in different feeding systems. **Animal**, v. 13, n. 6, p. 1332-1340, 2019. DOI 10.1017/S1751731118002604. Disponível em:
<https://www.cambridge.org/core/journals/animal/article/abs/genetic-polymorphisms-at-candidate-genes-affecting-fat-content-and-fatty-acid-composition-in-modicana-cows-effects-on-milk-production-traits-in-different-feeding-systems/718051DC7A28C1BE3D7CF05AB54C4EB8>. Acesso em: 08 abr. 2023.

YE J. *et al.* Primer-BLAST: A tool to design target-specific *primers* for polymerase chain reaction. **BMC Bioinformatics**, v. 13, n.134, 2012. DOI 10.1186/1471-2105-13-134. Disponível em: <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2105-13-134#citeas>. Acesso em: 23 fev. 2024.

ZHANG, X. *et al.* Milk consumption and multiple health outcomes: umbrella review of systematic reviews and meta-analyses in humans. **Nutrition & Metabolism**, v. 18, n. 7, 2021. DOI 10.1186/s12986-020-00527-y. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33413488/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

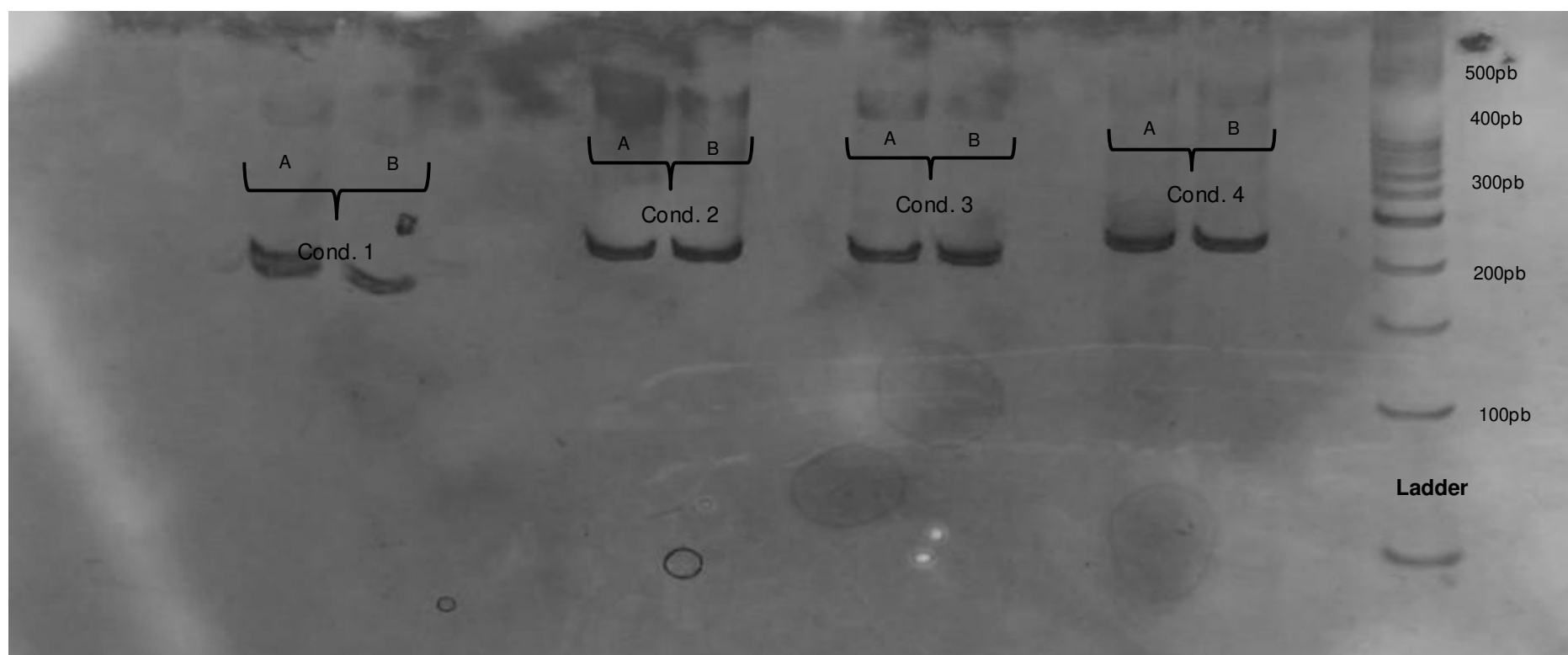
Apêndice A – Descrição da fase teste inicial: desenho e escolha dos *primers*

Foram desenhados, inicialmente, 4 *primers* (tabela 1), 2 *Forward* e 2 *Reverse* e a amplificação foi feita com duas amostras controle pela combinação entre esses *primers*, resultando em 4 combinações, como demonstrado na figura 1.

Tabela 1- *Primers* desenhados para flanquear a região do éxon 5 do gene da SCD1

<i>Primer</i>	Sequência	Pares de base (N)	Localização (ARS-UCD1.2; NC_037353.1)
<i>Forward</i>			
A1	5' ATCAGGTAGGTCTCAGCGTCC 3'	21	21272134 -21272154
B1	5' AGTGTAGAAAGGGACAGCCC 3'	20	21272095 - 21272114
<i>Reverse</i>			
A2	5' TCTGGCACGTAACCTAATACCC 3'	22	21272494 -21272473
B2	5' GGAGAGGGGGTCATAAAACAGGT 3'	22	21272528 - 21272507

Figura 1- Eletroforese em gel dos *amplicons* (A e B) das amostras de DNA de vacas Guzerá para as combinações de pares de *primers* testadas inicialmente. Cond.1 = condição 1: *primer* (F) A1 e *primer* (R) A2; Cond.2= condição 2: *primer* (F) A1 e *primer* (R) B2; Cond.3= condição 3: *primer* (F) B1 e *primer* (R) A2; Cond.4= condição 4: *primer* (F) B1 e *primer* (R) B2.



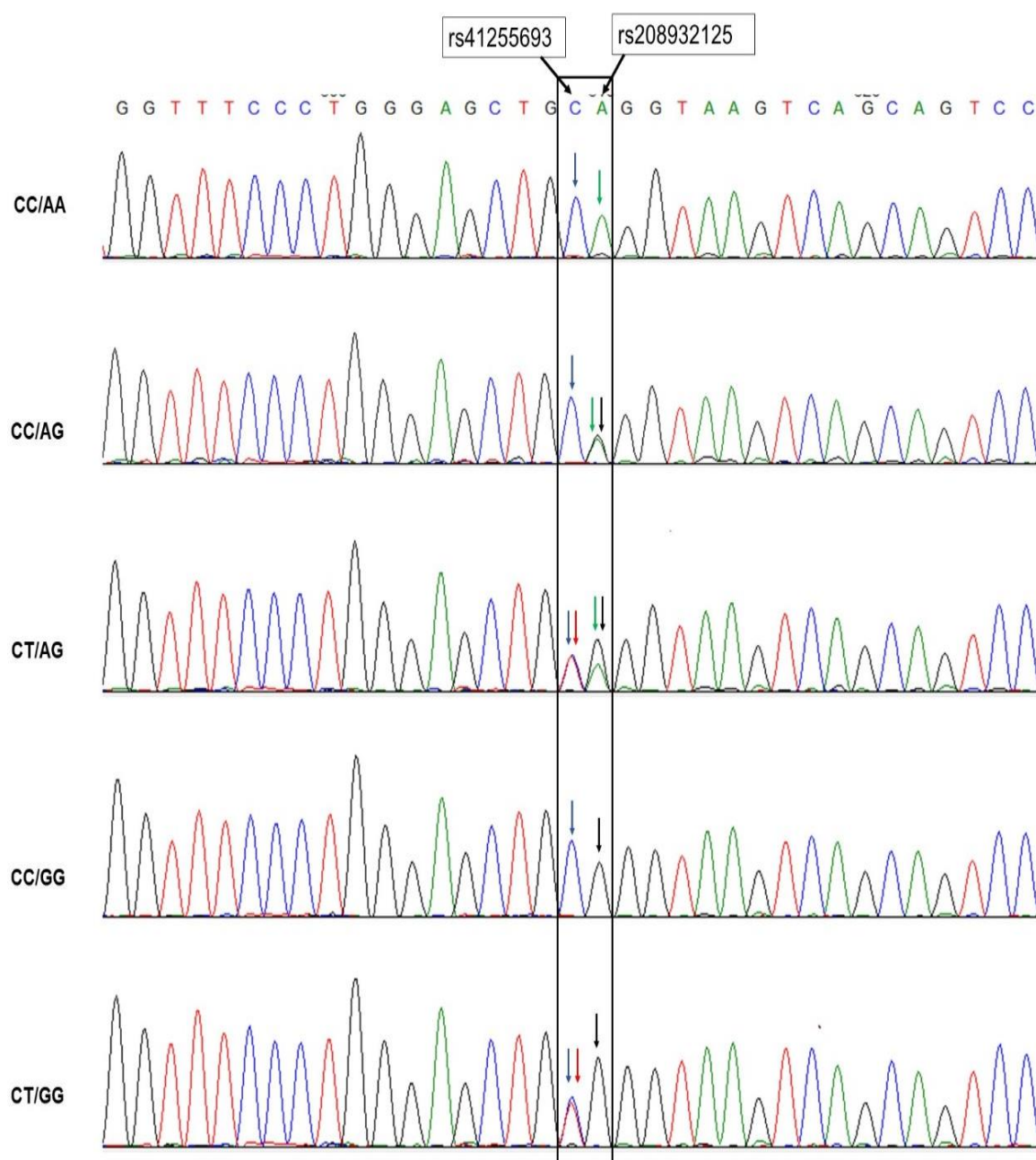
Fonte: A autora.

APÊNDICE B – Protocolo de purificação de DNA

- 1- Transferir o produto de PCR para um tubo de 0,5mL e acrescentar o mesmo volume de PEG (20%) à temperatura ambiente e misturar bem com pipeta;
- 2- Vortex por 15 s;
- 3- Manter a solução em banho-maria por 15 min à 37°C;
- 4- Centrifugar a 10 min a 12.000 rpm à temperatura ambiente;
- 5- Tirar o sobrenadante pipetando-o do lado oposto da orelha do tubo. Descartar;
- 6- Lavar o pellet com etanol a 80% gelado (125µl), centrifugar por 5min a 10.000 rpm;
- 7- Repetir o passo 6;
- 8- Retirar o álcool pipetando. E esperar evaporar, aproximadamente 10 min;
- 9- Ressuspender em água mili-Q (25µl);
- 10- Colocar em banho-maria over-night à 34°C para ajudar na ressuspensão;
- 11- Quantificar no Nano Drop.

APÊNDICE C- Caracterização dos SNP rs41255693 e rs208932125 presentes no éxon 5 do gene da esteroil Co-A dessaturase 1 em bovinos da raça Guzerá

Figura 1 - Genótipos encontrados no sequenciamento da região do exon5 do gene da SC1 de amostras de vacas Guzerá e classificadas como normais para os dois SNPs rs41255693 e rs208932125. As setas demonstram os picos: em azul representa a base C, em verde a base A, em vermelho a base T e preto a base G, duas setas no mesmo pico representam os heterozigotos



Fonte: A autora.

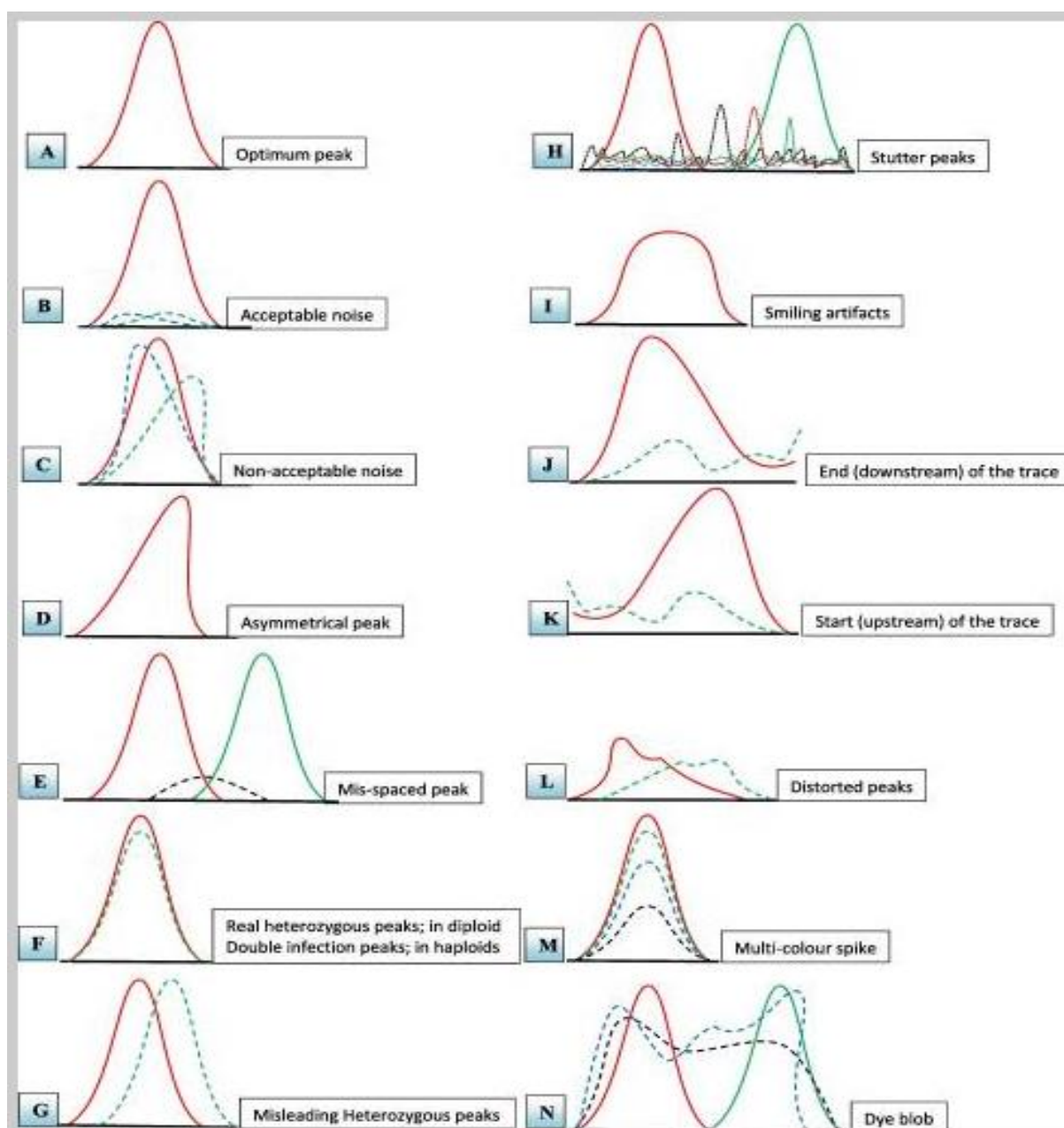
Tabela 1 - Frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo do gene da esteroil Co-A dessaturase-1 em amostras de vacas Guzerá

SNP	genótipo	N	frequência	Alelo	frequência
rs41255693 (A293V)	CC	172	0,97	C	0,99
	CT	5	0,03	T	0,01
rs208932125	AA	151	0,85	A	0,92
	AG	24	0,14	G	0,08
	GG	2	0,01		

Os dois SNP estão em EHW ($p > 0,05$). O valor do desequilíbrio de ligação foi $D' = 0,99$ e $r = 0,41$.

ANEXO A – Caracterização dos picos nos cromatogramas

Figura 1- Os principais problemas encontrados na leitura de cromatogramas de DNA de produtos de PCR baseados no método de sequenciamento Sanger: Ruído aceitável (A); Ruído não aceitável (B); Pico assimétrico (C); Pico mal espaçado (D); Picos heterozigotos reais: em Duplo diploide. picos de infecção; em haplóides (E); Picos heterozigotos enganosos (F); Picos de gagueira (G); Artefatos sorridentes (H); final (a jusante) do rastreamento (I); Início (*upstream*) do rastreamento (J); Picos distorcidos (L); Ponta multicolorida (M); Bolha de tinta (N)



Fonte: Adaptado de Al-Shuhaib e Hashim (2023).

CAPÍTULO 4

4.1. CONCLUSÃO GERAL

Apesar do número limitado de animais deste estudo, as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas foram similares às encontradas na literatura, e sugerem que as características do perfil de ácidos graxos do leite de vacas Gir e Guzerá podem responder à seleção direta e indireta para se obter um leite mais saudável do ponto de vista nutricional para consumo humano.

As vacas Guzerá apresentaram sequências sobrepostas de DNA pelas análises do sequenciamento Sanger, indicando a possível presença de uma INDEL na região do exon5 do gene da SCD1. Contudo, análises mais detalhadas devem ser realizadas para confirmar a presença dessa INDEL.

As variações presentes no gene da SCD1 das amostras das vacas Guzerá foram associadas à mudança no perfil de ácidos graxos, principalmente em relação aos ácidos graxos monoinsaturados de configuração *cis*-9.

Os resultados desta tese fornecem as primeiras informações a respeito dos parâmetros genéticos para o perfil de ácidos graxos de vacas Zebuínas e do efeito do gene da SCD1 sobre o perfil de vacas Guzerá.